

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Commissioner
US Department of Commerce
United States Patent and Trademark
Office, PCT
2011 South Clark Place Room
CP2/5C24
Arlington, VA 22202
ETATS-UNIS D'AMERIQUE

in its capacity as elected Office

Date of mailing (day/month/year) 25 June 2001 (25.06.01)	
International application No. PCT/US00/21313	Applicant's or agent's file reference PF-0728 PCT
International filing date (day/month/year) 03 August 2000 (03.08.00)	Priority date (day/month/year) 03 August 1999 (03.08.99)
Applicant YUE, Henry et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:

☒ in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:
28 February 2001 (28.02.01)

☐ in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election ☒ was
☐ was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Authorized officer Odile ALIU Telephone No.: (41-22) 338.83.38
--	---

(19) World Intellectual Property Organization
International Bureau



(43) International Publication Date
8 February 2001 (08.02.2001)

PCT

(10) International Publication Number
WO 01/09178 A2

(51) International Patent Classification⁷: **C07K 14/00**

(21) International Application Number: **PCT/US00/21313**

(22) International Filing Date: **3 August 2000 (03.08.2000)**

(25) Filing Language: **English**

(26) Publication Language: **English**

(30) Priority Data:
60/146,908 3 August 1999 (03.08.1999) US
60/160,924 22 October 1999 (22.10.1999) US

(63) Related by continuation (CON) or continuation-in-part (CIP) to earlier applications:
US 60/146,908 (CIP)
Filed on 3 August 1999 (03.08.1999)
US 60/160,924 (CIP)
Filed on 22 October 1999 (22.10.1999)

(71) Applicant (for all designated States except US): **INCYTE GENOMICS, INC.** [US/US]; 3160 Porter Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/Applicants (for US only): **YUE, Henry** [US/US]; 826 Lois Avenue, Sunnyvale, CA 94087 (US). **BANDMAN, Olga** [US/US]; 366 Anna Avenue, Mountain View, CA 94043 (US). **TANG, Y., Tom** [CN/US]; 4230 Ranwick Court, San Jose, CA 95118 (US). **BAUGHN,**

Mariah, R. [US/US]; 14244 Santiago Road, San Leandro, CA 94577 (US). **AZIMZAI, Yalda** [US/US]; 2045 Rock Springs Drive, Hayward, CA 94545 (US). **LU, Dyung, Aina, M.** [US/US]; 55 Park Belmont Place, San Jose, CA 94304 (US).

(74) Agents: **HAMLET-COX, Diana et al.**; Incyte Genomics, Inc., 3160 Porter Drive, Palo Alto, CA 94304 (US).

(81) Designated States (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(84) Designated States (*regional*): ARIPO patent (GH, GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), Eurasian patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), European patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Published:

— Without international search report and to be republished upon receipt of that report.

For two-letter codes and other abbreviations, refer to the "Guidance Notes on Codes and Abbreviations" appearing at the beginning of each regular issue of the PCT Gazette.



WO 01/09178 A2

(54) Title: **HUMAN CHAPERONE PROTEINS**

(57) Abstract: The invention provides human chaperone proteins (HCPN) and polynucleotides which identify and encode HCPN. The invention also provides expression vectors, host cells, antibodies, agonists, and antagonists. The invention also provides methods for diagnosing, treating, or preventing disorders associated with expression of HCPN.

PATENT COOPERATION TREATY
PCT

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

(PCT Article 18 and Rules 43 and 44)

Applicant's or agent's file reference PF-0728 PCT	FOR FURTHER ACTION see Notification of Transmittal of International Search Report (Form PCT/ISA/220) as well as, where applicable, item 5 below.	
International application No. PCT/US 00/ 21313	International filing date (day/month/year) 03/08/2000	(Earliest) Priority Date (day/month/year) 03/08/1999
Applicant INCYTE GENOMICS, INC. et al.		

This International Search Report has been prepared by this International Searching Authority and is transmitted to the applicant according to Article 18. A copy is being transmitted to the International Bureau.

This International Search Report consists of a total of 6 sheets.

☐ It is also accompanied by a copy of each prior art document cited in this report.

1. Basis of the report

- a. With regard to the **language**, the international search was carried out on the basis of the international application in the language in which it was filed, unless otherwise indicated under this item.

☐ the international search was carried out on the basis of a translation of the international application furnished to this Authority (Rule 23.1(b)).

- b. With regard to any **nucleotide and/or amino acid sequence** disclosed in the international application, the international search was carried out on the basis of the sequence listing :

☒ contained in the international application in written form.

☒ filed together with the international application in computer readable form.

☐ furnished subsequently to this Authority in written form.

☐ furnished subsequently to this Authority in computer readable form.

☒ the statement that the subsequently furnished written sequence listing does not go beyond the disclosure in the international application as filed has been furnished.

☒ the statement that the information recorded in computer readable form is identical to the written sequence listing has been furnished

2. ☒ **Certain claims were found unsearchable** (See Box I).

3. ☒ **Unity of invention is lacking** (see Box II).

4. With regard to the **title**,

☒ the text is approved as submitted by the applicant.

☐ the text has been established by this Authority to read as follows:

5. With regard to the **abstract**,

☒ the text is approved as submitted by the applicant.

☐ the text has been established, according to Rule 38.2(b), by this Authority as it appears in Box III. The applicant may, within one month from the date of mailing of this international search report, submit comments to this Authority.

6. The figure of the **drawings** to be published with the abstract is Figure No.

☐ as suggested by the applicant.

☐ because the applicant failed to suggest a figure.

☐ because this figure better characterizes the invention.

☐ None of the figures.

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C12N15/12 C07K14/47 C12N15/63 A61K38/17

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	BIRD C: "Human DNA sequence from clone RP3-336M4 on chromosome 1p36.11-36.2" EMBL SEQUENCE DATABASE, 2 July 1999 (1999-07-02), XP002157391 HEIDELBERG DE Ac AL096775 the whole document	3,11,12
X	---	
X	LIEW ET AL.: "B85F Heart Homo sapiens cDNA clone B855, mRNA sequence" EMBL SEQUENCE DATABASE, 20 December 1994 (1994-12-20), XP002157392 HEIDELBERG DE Ac T19903 the whole document & PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE USA, vol. 91, 1994, pages 10645-10649, ---	3,12
	--- -/--	

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

16 January 2001

Date of mailing of the international search report

24 APR. 2001.

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

CEDER O.



C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	US 5 646 249 A (KAYE FREDERIC J ET AL) 8 July 1997 (1997-07-08) the whole document	1-19,22, 25-28
P,X	--- KRIEF ET AL.: "Identification and characterization of cvHsp" THE JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 274, no. 51, 17 December 1999 (1999-12-17), pages 36592-36600, XP002157393 the whole document	1-19,22, 25-28
P,X	--- WO 99 47655 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 23 September 1999 (1999-09-23) Seq Id Nos 48, 122 abstract; claims -----	1-19,22, 25-28

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☒ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
see FURTHER INFORMATION sheet PCT/ISA/210
2. ☒ Claims Nos.: 20,21,23,24
because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically:
see FURTHER INFORMATION sheet PCT/ISA/210
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
1-28 partially

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

Continuation of Box I.1

Although claim 18 is directed to a method of treatment of the human/animal body, the search has been carried out and based on the alleged effects of the compound/composition.

Rule 39.1(iv) PCT - Method for treatment of the human or animal body by therapy

Continuation of Box I.2

Claims Nos.: 20,21,23,24

Claims 20,21,23 and 24 refers to agonists/antagonists of the polypeptide of claim 1 and their use in a method for treating a disease without giving a true technical characterization of the agonists/antagonists. Moreover, no such compounds are specifically defined in the description. It is only indicated that they "may include proteins" (such as antibodies)", nucleic acids, carbohydrates, small molecules, or any other compound or composition which modulates the activity of HCPN either by directly interacting with HCPN or by acting on components of the biological pathway in which HCPN participates." (page 10 lines 12-14; page 11 lines 13-16). In consequence the scope of said claims is ambiguous and vague, and their subject-matter is not sufficiently disclosed and supported (Art. 5 and 6 PCT). No search can be carried out for such claims whose wording is, in fact, a mere recitation of the results to be achieved.

The applicant's attention is drawn to the fact that claims, or parts of claims, relating to inventions in respect of which no international search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (Rule 66.1(e) PCT). The applicant is advised that the EPO policy when acting as an International Preliminary Examining Authority is normally not to carry out a preliminary examination on matter which has not been searched. This is the case irrespective of whether or not the claims are amended following receipt of the search report or during any Chapter II procedure.

FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210

This International Searching Authority found multiple (groups of) inventions in this international application, as follows:

1. Claims: Invention 1: 1-28 partially

Polypeptide comprising SEQ ID NO 1 and variants thereof; polynucleotide (SEQ ID NO 12) encoding the same and variants thereof; expression vector, host cell and transgenic organism comprising the same; use thereof for producing the polypeptide; antibody against the polypeptide; agonist and antagonist of the polypeptide; methods and pharmaceutical compositions using them.

2. Claims: Invention 2-11: 1-28 partially

Idem as subject 1 but limited to each of the polypeptide sequences as in SEQ ID NOS 2-11 and corresponding polynucleotide sequences SEQ ID NOS 13-22, where invention 2 is limited to SEQ ID NOS 2 and 13, invention 3 is limited to SEQ ID NOS 3 and 14,, invention 11 is limited to SEQ ID NOS 11 and 22.

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
US 5646249	A	08-07-1997	NONE	

WO 9947655	A	23-09-1999	DE 19813835 A	23-09-1999
			EP 1070125 A	24-01-2001

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00909 (22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 13 835.0 20. März 1998 (20.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM NORMAL BREAST TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTNORMALGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidtschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.

25

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No.161 bis Seq. ID 178, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

10

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.

15

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID 178 kodiert werden.

20

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

25

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

35

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 enthalten.

40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

45

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

50

- Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten
- 5 BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die
- 10 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 179, zur Verwendung als
- 15 Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutung n von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15		
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

Erklärung der Abbildungen

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es

35 wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiell n cDNA-Sequenzen mit v rändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

5 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
20	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
25	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236
30	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
35	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.1063			
	Lunge	0.0074			
50	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.2925			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0379			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0874			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0462			
	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0542			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:
Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
20	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
35	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
45	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
20	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
25	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
35	Duennndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0573			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
50	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0161			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northernns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
15	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
20	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
25	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
30	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
35	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
40	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
45	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
50	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
55	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
60	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
65	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
55	Niere	0.0371			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
65	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0078			
75	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
80	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0080		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0143		0.0000	undef
	Gehirn	0.0093		0.0044		2.1288	0.4698
	Haematopoetisch	0.0014		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
20	Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0030		0.0068		0.4342	2.3033
25	Pankreas	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0064		1.1186	0.8939
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duennndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
35	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0037					
50	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0140					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0205					
60	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
65	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0050					
70	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0155

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0790	0.0435	1.8185	0.5499
	Brust 0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre 0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus 0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie 0.0291			
	Duennndarm 0.0530			
	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0445			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0041
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0160
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0064
	Sinnesorgane 0.0000
60	

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0107		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0025		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0025		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0059		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointental	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0476					
50	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
55	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0080					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0232

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
20	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0291
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
60	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40					
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0074
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0040
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
30	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
60		

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0064	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
50	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
55	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
60		
65		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust	0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0244			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0651	0.0204	3.1823	0.3142
	Brust	0.0400	0.0065	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0174	0.0047	3.6870	0.2712
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130	0.5838
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0362	0.5922	1.6886
	Uterus	0.0430	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duenn darm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
40	Lunge	0.0185
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0816
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0000
50	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.8321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
25	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
30	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0245
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000
60		

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0466	0.0131	3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916	1.2633
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
15	Herz	0.0265	0.0687	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0336	0.0236	1.4221	0.7032
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0307	1.5749	0.6350
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424	1.5567
20	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000	1.2501
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0170	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0277
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0236
	Herz-Blutgefuesse	0.0368
40	Lunge	0.0407
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0228
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0280
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0648
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0192
60	Sinnesorgane	0.1393

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
25	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
45	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust 0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock 0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal 0.0155	0.0190	0.8143	1.2281
10	Gehirn 0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0194	0.2550	3.9208
15	Herz 0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0075	0.0071	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
20	Niere 0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0095	0.0276	0.3428	2.9168
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0128	0.9322	1.0727
	Uterus 0.0116	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duennndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefuesse 0.0164
40	Lunge 0.0000
	Niere 0.0062
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
45	Brust 0.0068
	Eierstock-Uterus 0.0183
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0105
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
55	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957	10.4512
	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591	1.7887
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0075	0.0118	0.6321	1.5821
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0192	1.2429	0.8046
25	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0234
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
55	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
25	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
60	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.1053	0.0131	8.0525	0.1242
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9279	1.0777
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0618			
30	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40					
45					
50					
55					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.1632
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571
	Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535
	Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316
	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
	Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
25	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.1058			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0977

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0244
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0852

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefasse	0.0082
40	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
30	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
55	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000
60		

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
40	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.1494	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.1472			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0234			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0186	0.0077	2.4246 0.4124
	Brust 0.0293	0.0087	3.3637 0.2973
	Eierstock 0.0091	0.0234	0.3895 2.5671
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0327	0.2791 3.5833
10	Gastrointestinal 0.0116	0.0143	0.8143 1.2281
	Gehirn 0.0110	0.0110	1.0063 0.9937
	Haematopoetisch 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0149	0.0065	2.2954 0.4356
15	Herz 0.0392	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge 0.0224	0.0071	3.1603 0.3164
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0230	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6281 1.5921
20	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0150	0.0267	0.5615 1.7808
	Prostata 0.0238	0.0128	1.8644 0.5364
	Uterus 0.0198	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0125		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0252		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointestinal 0.0092		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefuesse 0.0245		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0997		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0297		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0251		
	Gastrointestinal 0.0732		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0615		
55	Hoden 0.0234		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0171		
	Prostata 0.0192		
	Sinnesorgane 0.0232		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust 0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
	Gehirn 0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch 0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut 0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
20	Niere 0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0209			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0160			
50	Endokrines_Gewebe 0.0735			
	Foetal 0.0140			
	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647	0.3617
	Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0047	1.8435	0.5424
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0156			
55	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
25	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
30	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
45	Herz-Blutgefasse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0140			
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
40	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
25	Uterus	0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
55	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0271			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
20	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
25	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0185			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0491			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0432			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0342			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0192			
60	Sinnesorgane	0.0697			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
60	Sinnesorgane	0.0155

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
30	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
10	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
20	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0123
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefuesse	0.0123
	Lunge	0.0259
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0051	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
10	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
60	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
15	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
25	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
30	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
35	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0092
 Gehirn 0.0000
 Haematopoetisch 0.0039
 Herz-Blutgefuesse 0.0000
 Lunge 0.0000
 Niere 0.0062
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust 0.0068
 Eierstock-Uterus 0.0068
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0035
 Gastrointestinal 0.0000
 Haematopoetisch 0.0171
 Haut-Muskel 0.0097
 Hoden 0.0000
 Lunge 0.0082
 Nerven 0.0030
 Prostata 0.0128
 Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
55	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Brust	0.0080		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0078		0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0190		0.0000	undef
	Gehirn	0.0017		0.0033		0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0012		0.0024		0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0021		1.1186	0.8939
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0735					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 161

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0195	0.0164	1.1854	0.8436
	Brust	0.0176	0.0042	4.1747	0.2395
	Dickdarm	0.0115	0.0142	0.8073	1.2386
10	Duennndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
	Eierstock	0.0030	0.0095	0.3111	3.2146
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0089	0.5432	1.8409
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0111	1.3917	0.7186
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0076	0.0448	0.1691	5.9152
	Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
45	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden_n	0.0084
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 163

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0035	0.0000	undef
	Gehirn	0.0041	0.0030	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0680
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0513
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0121
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0023
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 164

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duendarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0035	2.2634	0.4418
	Gehirn	0.0168	0.0080	2.1034	0.4754
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0092	0.3157	3.1673
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0085	0.0091	0.9302	1.0750
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0513			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 166

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0202	0.0042	4.8009	0.2083
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0168	0.0020	8.4138	0.1189
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0137	0.9599	1.0418
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0148	1.1840	0.8446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0094	0.0039	2.4117	0.4146
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0268			
	Samenblase	0.0211			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
45	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0502			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0231			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 167

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0141	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0017	0.0010	1.7408	0.5745
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0112	0.0275	0.4061	2.4624
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0074	0.2631	3.8007
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 168

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 169

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
	Brust	0.0106	0.0028	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
10	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0012	0.0030	0.3868	2.5851
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0037	1.8555	0.5389
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0197			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
65	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 170

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0194	0.0056	3.4442	0.2903
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0018	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0069	0.0140	0.4974	2.0106
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0055	0.8770	1.1402
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 171

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 173

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0014	3.7573	0.2662
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0089	0.0000	undef
	Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0203
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Ni re_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 174

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0114	0.0028	4.0704	0.2457
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0000	0.0072	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0090	0.1934	5.1701
	Haut	0.0073	0.0394	0.1862	5.3697
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0107	0.0092	1.1577	0.8638
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0377	0.0037	10.2055	0.0980
	Niere	0.0000	0.0096	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0164	0.0304	0.5410	1.8483
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 176

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0202	0.0028	7.2014	0.1389
	Dickdarm	0.0057	0.0142	0.4037	2.4773
	Duennndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0058	0.0020	2.9013	0.3447
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0026	1.0853	0.9214
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 177

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0089	0.1811	5.5227
	Gehirn	0.0023	0.0050	0.4642	2.1542
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0019	0.0018	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0026	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fish r-T st

5

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches

10 Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende

15 Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

20

Beispiel 3

25 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

30 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research
35 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

40 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese

45 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

50 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz

eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

5 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

10 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

15

Beispiel 4

20

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zyto genetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

35 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der

45 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

B ispiel 5: Gewinnung von gen mischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

5

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>;. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Research Genetics sind unterstrichen.

Brust Normal

30

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	174/F/16				
12	388/D/5	393/M/24	494/B/3	502/B/23	
13	<u>203/A/1</u>	<u>233/B/22</u>	392/L/10	<u>311/J/7</u>	
15	<u>248/C/14</u>	<u>266/E/16</u>	<u>528/D/3</u>	<u>266/E/17</u>	<u>506/P/12</u>
19	<u>113/G/13</u>	191/B/19	202/O/3	250/O/19	
21	137/H/19	231/I/10			
22	165/N/5	208/D/7			
26	6/L/15	11/I/17	117/E/15		
28	<u>501/L/21</u>	<u>367/D/6</u>			
31	<u>369/H/21</u>	<u>429/I/13</u>			
34	108/M/13				
37	289/C/11				
42	59/A/20				
43	<u>325/J/11</u>	<u>448/O/2</u>	<u>563/F/18</u>		
57	<u>4/G/9</u>				
58	229/O/21	233/F/12			
59	97/P/23	109/A/1	125/H/9		

60	<u>503/P/21</u>		
61	<u>3/P/21</u>	188/B/9	
63	176/A/22		
69	425/E/10		
71	178/I/19	242/B/6	242/B/11

TABELLE I

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
1	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neuer humaner Prä-mRNA Spleiß-Faktor, der zur einer Genfamilie mit TPR (Tetratricopeptid repeats)-Motiv gehört.	"TPR"-Region	unbekannt	unbekannt	205	2031
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		3q29	zwischen D3S1265 und D3S1311	248	1081
3	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Homolog des Perilipin A aus Ratte.		15q26.1-qter	SHGC-6068; zwischen WI-7918 und SHGC-14718	247	1318
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	731
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		15q26.1-qter	D15S120-15qter	237	2719
10	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein humanes Ortholog des fsp-27 (Fett-spezifisches Protein 27) der Maus.		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	1471

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
13	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane LOT1 (Lost On Transformation 1).	"ZINC_FINGER_C2H2"-Domäne	6q23.3-q24.3	zwischen D6S308 und D6S978	214	2738
14	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane SGN3 (die Untereinheit 3 eines JAB1 enthaltenden Signalosoms).	"PCI_DOM AIN"	17p12-q11.2	sts-W80395; zwischen D17S922 und D17S798	225	1710
15	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues Zinkfinger-Protein des LIM-Typs.	"LIM"-Domäne	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC4-259 und SHGC-33782	228	3159
16	im normalen Brustgewebe erhöht	Der humane nukleärer Faktor I-B2 (NFIB2).		unbekannt	unbekannt	249	1680
18	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Dermatopontin.		1q12-q23	unbekannt	188	1722
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	1612
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.1	SHGC-32865; zwischen SHGC-3911 und SHGC-36303	248	1304

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge d r angemeldeten Sequenz (bp)
22	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist verwandt mit der schweren Kette H3 des humanen Inter-alpha-Trypsin Inhibitors. Dieser spielt möglicherweise eine Rolle bei der Stabilisierung der extrazellulären Matrix.		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1533
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1304
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2403
25	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2517
26	im normalen Brustgewebe erhöht	Die pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors.	"neur_cha n"-Domäne	5q34	AFM304xd5; zwischen AFM080xh11 und SHGC-5539	268	1668
28	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist möglicherweise das Ortholog des Neuronal Membran Protein 35 (NMP35) der Ratte.	"UPF0005"	2q35	SHGC-35278; zwischen D2S164 und D2S163	244	1768

lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
29	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane β -Spectrin.	"PH"-Domäne und "Spectrin"-Domäne	2p16.1-16.3	zwischen D2S123 und D2S378	247	3479
30	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p21.2-p21.3	SHGC-35668; zwischen D7S714 und D7S2564	88	933
31	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz stellt wahrscheinlich das humane Ortholog des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (SREBP-2)" des Hamsters dar.	"LM"-Domäne	12p11.21-q13.11	zwischen D12S1648 und D12S1620	269	2783
32	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Protein Kinase A Anker-Protein; es bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A.	"KH"-Domäne und "TUDOR"-Domäne	17q22	zwischen D17S790 und D17S794	265	3411
33	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Mi-2 Autoantigen, es handelt sich hierbei vermutlich um eine Helicase, die die Transkription aktiviert.		12p12.3-p13.33	zwischen D12S93 und D12S77	244	1393
34	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q25.1	SHGC-14061; zwischen ATC3 und AFMa273ye1	258	1236
35	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "obese protein" (ob).		7q31.3	zwischen D7S686 und D7S530	237	749

I. fd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
36	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Duffy-Antigen (DARC-Gen).		1q22	zwischen D1S484 und D1S426	271	1251
37	im normalen Brustgewebe erhöht	Dieses Protein hat eine ca. 50%ige Aminosäure-Identität zu S3-12, einem Plasma Membran-assoziiertem Protein, das während der Fettzellen-Differenzierung exprimiert wird.		unbekannt	unbekannt	199	3283
38	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Semaphorin E; es vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz.		7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2720
39	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	"crystallin"-Domäne und "HSP20"-Domäne	11q23.1-q23.2	zwischen D11S1893 und D11S938	247	1036
40	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane extrazelluläres Protein S1-5.	"EGF_CA"-Domäne	2p11.1-12	zwischen D2S2371 und D2S388	265	2659
41	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Lipoprotein-Lipase.	"Lipase"-Domäne	8p22-p23.1	zwischen D8S261 und D8S258	252	2939

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angestrichelten Sequenz (bp)
42	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane sFRP ("secreted frizzled-related protein") spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis).		8p11.21-p12	zwischen D8S1791 und D8S268	404	3670
43	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		10q23.32-q25.1	WI-14063	259	1025
45	im normalen Brustgewebe erhöht	Diese Sequenz ist wahrscheinlich das humane Ortholog eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus.		unbekannt	unbekannt	328	538
47	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane Plazenta "copper monamine oxidase".		17q12	SHGC-3147	256	360
48	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"HSP20"-Domäne	1p36.13-p36.23	zwischen D1S434 und D1S507	157	2192
49	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane "ras-like protein".	"ras"-Domäne	2p16.3-p21	zwischen D2S391 und D2S123	305	2952
50	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	615
51	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11q12.1-q13.1	SHGC-35409; WI-7266 - D11S2006	290	1488
53	im normalen Brustgewebe erhöht	Das YAP (Yes-associated protein); es bindet an SH3-Domänen.		11q21.1-q22.3	D11S1339	289	2262

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Läng der angemeldeten Sequenz (bp)
54	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane B4-2 Protein.		6q16.2	SHGC-31472	306	1301
56	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane "Lange Ketten Acyl-CoA Synthetase".		4q33-q35.2	zwischen D4S408 und D4S426	269	1265
57	im normalen Brustgewebe erhöht	Das "Prepro-Melanin-konzentrierende Hormon (prepro-melanin-concentrating hormone)".		12q22	AFM263ZD1; zwischen SHGC-15767 und SHGC-9350	247	274
58	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q22.3-2q23.2	SHGC-36777	270	2073
59	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein mögliches neues Mitglied der humanen tob-Genfamilie.		21q11.1-q21.1	SHGC-11705; zwischen D21S1886 und D21S1256	205	850
60	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2091
61	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zum Kryn-Gen der Maus.	"SH3"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	2952
62	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		11p15.3	AFM166zel; zwischen SHGC-5993 und SHGC-13819	223	2313

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Läng der angemeldeten S qu nz (bp)
63	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		2q24.1-q24.3	SHGC-1305; zwischen CHLC.GATA22H09 und WI-7620	192	1650
64	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Ortholog zur UMP-CMP Kinase des Schweins.	"Adenylate -kinase"	1p32.3-p36.12	SHGC-36697; zwischen D1S2843 und D1S417	223	2851
65	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		4p15.1	WI-15951; zwischen D4S1043 und SHGC-16179	221	1071
66	im normalen Brustgewebe erhöht	Die humane cAMP Phosphodiesterase.	"PDEase"	8q13.1	CHLC.GATA86D08; zwischen SHGC-9281 und AFMa084wc5	199	2375
67	im normalen Brustgewebe erhöht	Das humane Antigen CD 36.	"CD36"-Domäne	7q11.23	sWSSS1455	221	1823
68	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich ein humanes Ortholog des Hefe S. pombe sad1+ Gens.		7p22.3	SHGC-34866; zwischen SHGC-10715 und SHGC-32510	248	2403
69	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		5p15.33	zwischen D5S477 und D5S426	230	1246
71	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Protein, das eine SH3-Domäne enthält. Diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation.		8p21.3	SHGC-30970	263	1950

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Läng EST (bp)	Läng d r angemeldet n Sequenz (bp)
72	im normalen Brustgewebe erhöht	Ein neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt; auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A.		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	814
74	im normalen Brustgewebe erhöht	Vermutlich das humane Ortholog des Maus Sox-18. Die Sox-Proteine stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse steuern. Sox-Gene weisen eine sog. HMG-Box ("high mobility group") auf. Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor") des Menschen.		unbekannt	unbekannt	264	747
76	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt		17p13.3-q25.3	AFM163yg1	296	2419

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
161	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.1	"RGS"-Domäne; "ATP-synt_B"-Domäne; "TPR_Region TPR_repeat"; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	unbekannt	unbekannt	205	3096
162	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.4	"CNH"-Domäne; "NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	Xq24	SHGC-14021 alias DXS9764	256	1987
163	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.10		3p24.3-p25.1	zwischen D3S1597 und D3S1263	310	1107
164	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.11	"TK"-Domäne	17q22-q23.2	SHGC-32689; zwischen D17S787 und D17S792	239	1062
165	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.12	"Polyoma_coat2"-Domäne	2q34	SHGC-3316; zwischen D2S315 und D2S2237	241	2770

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Läng EST (bp)	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)
166	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.15	LIM; Ran_BP1; NLS_BP Bipartite nuclear localization signal	4p14	SHGC4-435; zwischen SHGC-259 und SHGC-33782	228	4242
167	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.19	"UPF0024"-Domäne	1p22.1-p22.2	SHGC-34523	287	2640
168	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.22		10p15.1-p15.3	SHGC-16603; zwischen SHGC-16603 und SHGC-33903	288	1558
169	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.23		11q14.2-q14.3	zwischen D11S1354 und D11S931	204	1388
170	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.24	"ribonuclease_T2"-Domäne	10p15.1-p15.3	zwischen D10S591 und D10S189	291	2416
171	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.25	"TK"-Domäne	2q35	AFM249wg9; zwischen CHLC.GATA29E02 und WI-7744	286	2720
172	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.38	"ig"-Domäne	7q11.23-q21.13	stSG30323; zwischen D7S660 und D7S524	240	2987
173	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.50		7p12.1-p12.3	zwischen D7S506 und D7S659	188	892

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	Module	Chromosomale Lokalisation	nächste Marker	Länge EST (bp)	Läng der angemeldeten Sequenz (bp)
174	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.51	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	11q12.1-q13.1	SHGC-35409; zwischen WI-7266 und D11S2006	290	1679
175	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.60	"NLS_BP Bipartite nuclear localization signal"	1q22	SHGC-36663; zwischen SGC32839 und D1S1576	229	2411
176	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.61	"SH3"-Domäne; "IL-6"-Domäne; "toxin_2"-Domäne	4q31.3	SHGC-31182	225	3450
177	im normalen Brustgewebe erhöht	Verlängerung zu Seq. ID Nr.72		7q21.11-q22.1	R06442; zwischen D7S524 und D7S657	240	874
178	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	"PH"-Domäne	9q34.11-q34.12	stSG3880; zwischen D9S1821 und D9S159	242	3265

TABELLE II

DNA-Sequenz n

Seq. ID. No.

Peptid-Sequenz n

Seq. ID. No.

1	77
2	78
	79
	80
	81
3	82
4	83
5	84
10	85
11	87
12	88
13	89
14	90
15	91
18	92
19	93
21	95
22	96
23	97
24	98
	99
25	100
	101
	102
	103
28	104

DNA-Sequenzen**Seq. ID. No.**

30

31

34

37

42

43

45

48

50

51

53

54

57

58

59

60

61

62

63

64

65

68

69

71

72

74

76

Peptid-Sequenzen**Seq. ID. No**

105

106

107

108

112

113

114

115

116

117

119

122

124

125

126

128

129

131

132

133

135

137

138

139

140

141

142

143

144

145

146

147

148

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

DNA-Sequenz n
Seq. ID. No.

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

Peptid-Sequenzen
Seq. ID. No

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
ATTGCATCAG CCCGCCTGGA AGAAGTCACT GGAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 60
ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCATCT CCCACAGTCT 180
GTCAGGATTT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
CTTCGGAAAG CCTCGAGCA TGTTCCAAAC TCGTTTCGCT TGTGGAAAGC AGCCGTTGAG 300
CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
AGCGTGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
TTGAACAAGG CGCGGGAGAA CATTCTTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TCGTGCCGT GATTGGGATT 660
GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
CACAATGCCC TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
AAGAAGAGCT TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
CTGGAAGCAC TCTGTCAGAG GGCTGTGGCC CACTGCCCCA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCGG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCCC 1080
CCACCGCCCG GGTGTTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
CAGCCCAAGA TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCATATGA GGAATTCCCC AAGCTGTGGA 1200
TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
ACCAGGGGTT GAAGAAGTGT CCCCCTCCA CACCCCTGTG GCTTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
AGGAGAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTT GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGCGGCT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCCAAC TCCGGTATCC 1500
TGTGGTCTGA GGCCATCTTC CTGAGGCAA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGATG 1560
CCCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTTGGA 1620
GTCAGCGGAA GATCACCAG GCCAGGGAGT GGTTCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
ACCTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
TGGCCGGCCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTTT 1980
ATGTCTCGTG TCAGAAAAA AAAGAAAAGA AAAAGGGGG CGCCCGGGG C 2031
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1081 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTCT GTGAATTCTA 120
ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
GGTTTGTGTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTC AATAGG 360
AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
TTATTCCTTTT CATTTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTTCTC 540
ATTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTTGT AAGGCAAGAG GTGATTTCTC 660
TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAACTA GTTGTAAAGT CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTT TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
A                                                                                      1081

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCGACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCCGC 120
GCCCCGGGCC GCGGGGTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
GCACTTTTTA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTTTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACC AAA CTTGTGGCCA 420
AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTCAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTTGAC ACATTCTTAG 540
CACTGAACCT CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCTCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTG CATCATTACT 780
GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
TTCTCCCGA GCTCCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTT 1140
GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAC TAGT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
TTTTTTTTCT TTTTGCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAATG 1318

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTTCTTCT 480
TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600
CTTTCACGTG TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
AAGTAAAAGG A 731

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
TGTTTTAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCCT TTTTACTTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
TGGTCAATTT CCTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAAGG 360
CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCAATC 480
TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCTT TAGGAAAAAA TTAATTGCCA 720
TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780
CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840

```



```

CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATTT 900
CATTTTTTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTTT CTGGAGTGGC 960
CAGTTCCTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020
CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080
GACTGCAGCT GGACCGGCAA GCTGGCTGTG TACAGGAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140
GTGCCTCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCTT CCATTTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200
CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260
ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320
GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380
GGACGGGCCT GGGGGGCGAG AAAGGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440
AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTTATTGGA TTCATTTTAT 1500
TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAAA 1560
GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTTAGT TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620
TCAGCTGTAT TTCCAGTAAC ACAGCATCAT CGCACTGACT GTGGCGCACT GGGGAATAAC 1680
AGTCTGAGCT AGCACCAACC TCAGCCAGGC TACAACGACA GCACTGGAGG GTCTTCCCTC 1740
TCAGATTAC CTGGAGGCCC TCAGACCCCC AGGGTGACAG TCTCCCAGG TCCTGGGAGT 1800
GGCTACCGCA GTAGTTTCTG GAGAGCACGT TTTCTTCATT GATAAGTGGA GGAGAAATGC 1860
AGCACAGCTT TCAAGATACT ATTTTAAAAA CACCATGAAT CAGATAGGGA AAGAAAGTTG 1920
ATTGGAATGG CAAGTTTAAA CCTTTGTTGT CCATCTGCCA AATGAACTAG TGATTGTCAG 1980
ACTGGTATGG AGGTGACTGC TTTGTAAGGT TTTGTCGTTT CTAATACAGA CAGAGATGTG 2040
CTGATTTTGT TT'TAGCTGTA ACAGGTAATG GTTTTGGAT AGATGATTGA CTGGTGAGAA 2100
TTTGGTCAAG GTGACAGCCT CCTGTCTGAT GACAGGACAG ACTGGTGGTG AGGAGTCTAA 2160
GTGGGCTCAG TTTGATGTCA GTGTCTGGGC TCATGACTTG TAAATGGAAG CTGATGTGAA 2220
CAGGTAATTA ATATTATGAC CCACTTCTAT TTACTTTGGG AAATATCTTG GATCTTAATT 2280
ATCATCTGCA AGTTTCAAGA AGTATTCTGC CAAAAGTATT TACAAGTATG GACTCATGAG 2340
CTATTGTTGG TTGCTAAATG TGAATCACGC GGGAGTGAGT GTGCCCTTCA CACTGTGACA 2400
TTGTGACATT GTGACAAGCT CCATGTCCTT TAAAATCAGT CACTCTGCAC ACAAGAGAAA 2460
TCAACTTCGT GGTGGATGG GGCCGGAACA CAACCACTCT TTTTGTATTT ATTGTTACTG 2520
AGACAAAACA GTACTCACTG AGTGTTTTTC AGTTTCCTAC TGGTGGTTTT GATATTGTTT 2580
GTTTAAGATG TATATTTAGA ATGACATCAT CTAAGAAGCT GATTTTGCTA AACTCCTGTT 2640
CCCTACAATG GGAAATGTCA CAAGAATGTG CAAAAATAAA AATCTGAGGA AAAAACCCAA 2700
AAAATTCCTA AAGAGAATG
2719

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gggccgggca gccagctga aggcaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg 60
ctagccgggc ataggggcca gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgcgc 120
cccgggtgaag agaagctcgc ccatcaccgg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag 180
ggccagaact gttgcttgac tccaacatct gcctctgggt ggtcctaccc atcgttatca 240
ctcttcgtag acatgatccg ccactacgtg tccatcctgc tggagagcga caagaagctc 300
accaggaac aagtatctga caggggacga ggcaccaca gtccctctcc cataagcctg 360
ccaagaagat tgatgtggcc cgtgtaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact 420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tcctatgatc 480
tgcactgctg tggggccaag cgcacatga aggaagcttt ccgctgggcc ctcttcagca 540
tgcaggccac aggccacgta ctgcttgga cctcctgtta cctgcagcag ctctcgatg 600
ctacggagga agggcagccc cccaagggca aggcctcatc ccttatcccg acctgtctga 660
agatactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgcag gaccctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcatgaagt ctgcccctca 960
gcagtccggc ctacaggct gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatcccal 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatac tagcatgtga tattaggag tttgcaataa 1080
attattgatg ctgatgtaaa aaaaaa
1107

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1062 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aaggaggga 60
gggggcagga cagtgtggaa tctctagggt gtatgggtag gtagggggca cagttagttc 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagggt 180
tccccctcctt gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240

```

```

gggaaggctt taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
tgggtctcag tgcagaggga cagtgactgt ggatggttgc agtctctggt gggaggtgag 360
gatagaagtg ataaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggtctgt agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aataggggtg ggggtggggt tggggtgggg 540
tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaactc tcgtgtaggg 600
ttgacaatgt gggggggtgg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aatacccctc cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgct 720
ttgtgatgtt ggcaggggag gggagacctg ggtggtgact gagttccctt tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta ttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc cccctgccct cccagactgt gtggccagt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
catctctccc tcatttcttg agcagggcct gagaccctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgcctc ttttgacat taaagggtga ttgatgcaaa acaactttac aacggggtgg 1020
cttggggaag cctggggttg gccggcttat ggggttgcg cg 1062

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```

attacaggca tgagccactg taccagcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
acacctttat ccctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgccctt gcaaggtcta 120
tatgtaaaag aaatctgaaa tttagctgta gaataaaact tgataaataa aaagaaaaaa 180
catacatttc tccagttggt ttgctctttg cttgttgaag taataaaccg ttttaaagag 240
aaaatacttg ctgtaaaccc ccagtgcctt caactctttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
atccagcaag caaactttga ggtgctaata aaagtaaagg aaggtggtat ttctagtttt 360
ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggggtc tggctgcttt 420
ctaccaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaggg tgatggtgaa cactacatat 480
tttatagatg gttaagtga gaattaatta tgtttatcat ggatggctac taataccaag 540
ctcatgattg ttgcagcctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaagg 600
ggagaaaccc ttatatatttg caaactgtcc attcggtaaa tttattgtaa cctaatacca 660
aaaactgccg tttttcatat tatttcccca cctcctactt tttttttttt tttttgtctac 720
ttgtaaaata accccttcta gaaaataagc attaactgga atgtttcaaa caattttgct 780

```

```

tcattttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacattttaag ataaaattag 840
cttgtgctaa gtgttttaaa aacattgttt actgtttaag ggggaattgca cattataattt 900
aactgggatt gctccctccc tcagttcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
tgtaggctgt gggagctttg ccataggtag atacaatgta gaagtatact tttttaaagc1020
atgaagaaga caaggaaactt cattataatg taccaggtag aggacattat tattcaaagg1080
attatgcaca gctcagtga gatgaagtta caatttttct cgcagctttg ttgctattat1140
tttcttctgc ataaatgtat gctcatttca ttatgtgcct tgctccctga ttgtgcaaag1200
cttatatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatatat1260
tcagtactac tgaggatggt tttctgagga tgtttttgtt ctgctggatt aagttatttt1320
ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgt1380
acagtcagtg taaatgtttt tcatttacat gttttcatta tatcagctta tcaaaccctt1440
aataaaaaaa attcatagat ttcatttaaa c 1471

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2738 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gctccgtgcc agcatgctac cctgggaggg acatccaggc ttgggaaacg ggggtgtcct 60
ggatctcatg actccagcag caccagctgc tctctttcct cttccaagta gacttccgtt 120
cccccccccac ttgggtgttt ttgtttgttt tagcaattca gagctcaaga taaagacctt 180
aaagataact ttgtgtgtct ctccctttct aggtatttgc ataggaatca gaggagttaa 240
tcttgtctct tctcacaggt ttgaatcttc agacaaaact ctgggaggac tcggtccatg 300
cctcgcagca gatgttccct gtcaatcagt aggcaaattg gctaccatt ctccccagaa 360
atctcaccag tgtgctcact gtgagaagac gttcaaccgg aaagaccacc tgaaaaacca 420
cctccagacc caccagccca acaaaatggc ctttgggtgt gaggagtgtg ggaagaagta 480
caacaccatg ctgggctata agaggcacct ggccctccat gcggccagca gtggggacct 540
cacctgtggg gtctgtgccc tggagctagg gagcaccgag gtgctactgg accacctcaa 600
agcccatgcg gaagagaagc cccctagcgg aaccaaggaa aagaagcacc agtgcgacca 660
ctgtgaaaga tgcttctaca cccggaagga tgtgcgacgc cactgtgtgg tccacacagg 720
atgcaaggac ttctgtgccc agttctgtgc ccagagattt gggcgcaagg atcacctcac 780
ccggcataacc aagaagaccc actcacagga gctgatgaaa gagagcttgc agaccggaga 840
ccttctgagc accttcaca ccattctgcc ttcattccaa ctgaaggctg ctgccttgcc 900
tcctttccct ttaggagctt ctgcccagaa cgggcttgca agtagcttgc cagctgaggt 960

```

```

ccatagcctc accctcagtc ccccagaaca agccgcccag cctatgcagc cgctgccaga1020
gtccctggcc tccctccacc cctcggtatc ccctggctct cctccgccac cccttcccaal080
tcacaagtac aacaccactt ctacctcata ctccccactt gcaagcctgc ccctcaaagc1140
agatactaaa ggttttttgca atatcagttt gtttgaggac ttgcctctgc aagagcctca1200
gtcacctcaa aagctcaacc cagggttttga tctggctaag ggaaatgctg gtaaagtaaa1260
cctgcccaag gagctgcctg cagatgctgt gaacctaaaca atacctgcct ctctggacct1320
gtccccctg ttgggcttct ggcagctgcc ccctcctgct acccaaaata cttttgggaal380
tagcactctt gccctggggc ctggggaatc tttgccccac aggttaagct gtctggggca1440
gcagcagcaa gaacccccac ttgccatggg cactgtgagc ctgggccagc tccccctgcc1500
ccccatccct catgtgttct cagctggcac tggctctgcc atcctgcctc atttccatca1560
tgcattcaga taattgattt ttaaagtgtat tttttcgtat tctggaagat gttttaagaa1620
gcattttaaa tgtcagttac aatatgagaa agatttggaa aacgagactg ggactatggc1680
ttattcagtg atgactggct tgagatgata agagaattct cgaactgcat gtattgtgcc1740
aatctgtcct gagtgttcat gctttgtacc aaatttaattg aacgcgtgtt ctgtaataca1800
actgcaaata ttgtcataac caacatccaa aatgacggct gctatatata agtgtttgtc1860
atatggaatt taatcgtaag ccatgatcat aatgttaact aaataacttt atgtggcact1920
gcctagtaag ggaactatgg aaagggttgg atttctccaa atctggggaga attttcaaaa1980
taagaaaata acctttatat gatatactat gactaggctg tgtatttctt ttcagggatt2040
tttctacctt cagggttggg tgtagtttag ttactattac catagccaac ctgtagtttt2100
acatatacat tttcttgtgg agcaatagag ttctccattt tacagaagca ttttaaatgt2160
agtttgaata ttttccacaa gatgctgcaa tgtgagttat cacttcattt atcttaaaaga2220
aagactaaac tggttgtcag ttacatctga cagaaaaaaa aaaaaaatca ctgtgtaacc2280
agggttaagt gtaaaataat ccaggcgtca gtcaaaggca ttttgctgac tttaatattg2340
attatatatt taacaggaat ttaagaaaat attactggaa ttaaaaatat atatatatta2400
aacaagaatt ttctttgctc tgtctagctt aaactactac tcaagctgct taagttctta2460
agtattgttt gtaatcacca ataaataagt gcatttgtaa ttcacagtc attattagct2520
tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggatatctta2580
ttaatgagtt ttaaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctccattgt cttatgtttt2640
tagaggcttt tccgtaaaca tatatcttac atataataaa cttttcaaat cttgcaaaaa2700
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa

```

2738

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1710 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cgccgcggcc cctcctccca gagcggcagc cttttcccg cgtgtgtgcc ttcgccgctc 60
ggcccgcccg ggggaaaaca tggcgtctgc cctggagcag ttcgtgaaca gtgtccgaca 120
gctctcagct caagggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaact 180
ccttgcggaag aacttatccc atctggacac tgtgtcgggg gctctggatg tacaagaaca 240
ctccttgggc gtccttgctg ttttgtttgt gaagttttct atgccagtg ttcctgactt 300
cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcact tgtaatgggg agcacattcg 360
atatgcaaca gacacttttg ctgggctttg ccatcagcta acaaatgcac ttgtggaaag 420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tgccatcttt gagaacttat ctgaaagaga 480
tgtcattttct gacagccctt gcgaggaatt ggcacacctt agcaagccat agacaagatg 540
cagatgaata caaacagct gacctcaata catgctgac tctgccagct ttgtttgcta 600
gcaaaatgct ttaagcctgc ccttccatat cttgacgtgg atatgatgga tatctgtaa 660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc 720
tatactgggc tgaagaactt tgaaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact 780
cctgccatgg cggtcagtc tatcatgttg gaatcatata aaaagtatat ttagtgtct 840
ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta ccaaaatata catctcaaat tgtgggtaga 900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttagcac aagtgtattc aaccaacaac 960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtgaac ccttcactcg cgataacaac 1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaattattcagg gactaacaac 1080
aagacctttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtgcagtt gtctggacct 1140
caggaggcag agaaatacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagatttt tgcaagtatt 1200
aaccagaagg acggtatggc cagtttccat gataaccctg aaaaatataa taaccagacc 1260
atgcttcata acattgatca ggagatgctg aagtgcattg agctggatga gcggctgaaa 1320
gccatggacc aggagatcac agtgaacctc cagtttgtac aaaagagtat gggctcacaac 1380
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattcttgaa actaacatcc atcctgagct 1440
aaacaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggagggcagc agagaggacc 1500
aagcctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg 1560
tgctttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaaa ctttaaagtc 1620
tgtcgtggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1680
aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3159 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
gtggaagaa gctgtgctct tcctgtgggc ttcctttggg taaaggagct gcaatgatca 120
tcgagaccct caatctctat tttcacatcc agtgtttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
agcttggaaga tgcagtgagt gggacggatg ttaggattcg aaatggctct ctgaactgta 240
atgattgcta catgcgatcc agaagtgccg ggcagcctac aacattgtga cagggtttc 300
aagcttccgg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatttc tgaaaggctc ttctgaaagg 420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt tttgggtttt 480
tgtttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tggggttgta atgatcctga 540
atagctcaaa aaagggtttta gcatggtcaa acaggcttat ggtttaaaat gtgttattct 600
cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
ttaaacactt tatgtttaca gaattgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
cacacggctt tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
caagctctat ctctgagcta taatttgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata 840
tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt accttggag gtagaaatta taccaataaa 900
ttattgcacc gttagtatta gattctgtgt accttggagg ttatgtcatt aatataggct 960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgaat atcagctaga ttacactcc gggacgttgc 1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata tttcagtcatt ctttccaaa gtcattatca 1080
aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaag agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
ctgcttctct cgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgctc cccttgcctg 1260
caagttctcc ttaagggcct gaagcacagg tgtccaaaga aaagcgtaa gtccatctta 1320
atagaatcta tgtgttatat gatgtgttca gccctgtgtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
agcacagatt atgccctgcc cacttcaatg aatacctact ctctccatt ctccatcact 1440
tttttgcta tcaagaactc cggaccttgc ccatggagaa gtttagagag gaactcttgt 1500
ggagagctgg tttattttct gccctgtgctg acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggt tttttgtttt ttgtgttaa 1620
gactggggaa agggggacta tttattctgc cttaaatcaa tggcaataaa gtcaagatga 1680
cattttgtga atgtagacta tggatacact cctaatagat tgatgtagtc ataaaaggg 1740
gtcaagtaga tgtttttctg ttatgtaagc aataattttt ccgtgtctta ttgagtatgg 1800
ctagcgatta tttattacat gctagatggg ttctttgcat gtgggttcca tatagggtga 1860
gaaatttctc cagccactgg agggatttgc accatatttg tcatttggat gagctgttat 1920
tagattgaaa tctacacatc atttcattaa aaattgtgcc ttagaaaacg caaagctgtt 1980
gcacatggcg ataaattatg gatgcagtac attgaagaga gatgaagtca cttccaagtt 2040
tccaagactt ctcatggagg tgtttgctgt tttacaggaa aaaaataaaa taaaaaaga 2100
aaaaaaagag aaaaaattaa attcaaaaat tgttttgaaa atgtacagat caagtccaat 2160
attttgatta tccacctgca tgttttatta aatattttga taatgtggat gtttacactt 2220
tgcatgatat tagcagagta ccactagtaa tgcacaaaca tgtacaatat ggtcattcat 2280
aaccgatttt tatagaatac tttttacatg tgcaactcca tccgttatgt aaggattaca 2340
tgaatattgc acattccctt ctggtttcac aaacctattt atacatattt cttagtgaag 2400
ctcattgtac atgtattgaa gctagaatcg agtcaagaaa aataaagccc cattctccaa 2460
ctgcaaaatg tgctttccca taatgaacac tagtcaccag cacagaataa tctccaacat 2520
tttctaaatt ctaattgcca actgtttcta tttatatattg atttatattt catttgaggt 2580
ctgttacatg gcagcttagg cagactagat cttgtttttt ccaatgcagc ataatgagta 2640
tgatctattt cttttcaaat aatctttgag atcccaggaa aaaaaaaatg ctctgctcca 2700
ttgagctata atgtaaatgt gtttgtttaa aaaacagggtg aggcaagtga gtgatttatt 2760
gttcctgagg aagtatatct gatttttttt ctcatactcc aaaagctagt ccctactctt 2820
taataaaaaa aatgggtaac tttttgtttt tcaactagcg acttccatga catttctttt 2880
ctatgtagtg tgattaatgc aatacatatt atagttatct atacacagt taagatttaa 2940
caaactgaaa tgatccacct catatgtgag tccgtccaaa agatgttact gctctgggtg 3000
ggccagtgtt ctatatcggt tatactaact ttcattttaa gtatttattc taaaatgcct 3060
ctgagaaaca gtaaaaaata aaaacaacaa gttgtctaaa atgcaacagc ttttatagta 3120
aatgtacatt tataaataaa atactcaaat caaaaaaaa 3159

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1680 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
aataatttga tgcattctgga atttatattt ctcattattgt tgtagatttt aacattgtat 60
ttttttcttt tttcttccct cctgtctgcc tctctctctt caacagtcct ggtacctggg 120
ctagcttggt tcctttccaa gtgtcaaata ggacacccat cttaccggcc aatgtccaaa 180
attacggttt gaacataatt ggagaacctt tccttcaagc agaaacaagc aactgaggga 240
aaaagaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatttc actgatggta gatcgagcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggtttagtat tcttgttgtt 600
tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgctcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagttatcag tacagattta ttaaatttcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa cccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaaa aggaaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taaaggggaa tcatgattat aagtccttca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta ttttccctc agtttttgag ggcattaaaa 1140
aggcattaaa tcaagacaaa tcatgtgctt gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg ttttagctgca gcctccttgg aggtagaatt tatttattta aaattactgg 1260
ttgcatcaag aacccatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtt aagcttacag tttacaaact gggaacgccal 1380
gggtgtagga tataaaaacg cactcttgag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
tgcatggtgc tttcagacat tagccttggt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aattttaatt aaaaatactc 1560
tttccagtaa tcctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
```


atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacgccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgt 300
gggaggagat caacagggct ggcatggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgtctgga tcgggagtgg cagttttact 420
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatata cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtggaa gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaatgttt agatttgcca cataccaa atctgggtgaaa 660
ggaaaggggc cggggacagg aggggtgtcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagtttctg ctgctctctt tccttctccc tgagctggta actgcaatgc caacttcctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaata aaaatccaca attaaacct gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtgc gcatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg1020
agaggtgcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgta gggtccccac1080
caaaagcagg ctttctgccc tgaggacat cttcccactc ccctgctcca catgagccat1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggtg1200
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttcctg1260
aattagaaga caaacgttag cataccagc aaggaaaatg agtgcagggg ccaggggaaac1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg1380
ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaal440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620

```

gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
 ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

ggccatggaa attaaagttg aaaaagactt gaagactgga gaaagtacag ttctgtcttc 60
aattacctct gccatcagat gactttaaag gtacaggaat aaaagtttat gatgatgggc 120
aaaagtcagt gtatgcagta agttctaata acagtgcagc atacaatggc accgatggcc 180
tggcaccagt tgaagtagag gaacttctaa gacaagcctc agagagaaac tctaaatccc 240
caacagagta tcatgagcct gtatatgcca atccctttta caggcctaca accccacaga 300
gagaaacggt gacccttgga ccaaactttc aagaaaggat aaagattaaa actaatggac 360
tgggtatttg tgtaaatgaa tccatacaca atatgggcaa tggctcttca gaggaaaggg 420
gaaacaactt caatcacatc agtcccattc cgccagtgcc tcatccccga tcagtgattc 480
aacaagcaga agagaagcct cacacccgcg aaaaaaggct aatgactcct tgggaagaat 540
cgaatgtcat gcaggacaaa gatgcaccct ctccaaagcc aaggctgagc cccagagaga 600
caatattttg gaaatctgaa caccagaatt cttcaccac ttgtcaggag gacgaggaag 660
atgtcagata taatatcgtt cattccctgc ctccagacat aaatgatata gaaccggtga 720
caatgatttt catggggtat cagcaggcag aagacagtga agaagataag aagtttctga 780
caggatatga tgggatcatc catgctgagc tggttgtgat tgatgatgag gaggaggagg 840
atgaaggaga agcagagaaa cgtcctacc accccatagc tccccatagt cagggtgtacc 900
agccagccaa accaacacca cttcctagaa aaagatcaga agctagtcct catgaaaaca 960
caaatcataa atccccccac aaaaattcca tatctctgaa agagcaagaa gaaagcttag1020
gcagccctgt ccaccattcc ccatttgatg ctacagacaac tggagatggg actgaggatc1080
catccttaac agctttaagg atgagaatgg caaagctggg aaaaaagggt atctaagagt1140
tgtaccacct atataaacat cctttgaaga agaaactaag aagcatttgc aaatttctct1200
tctggatatt ttgtttattt tttctgaagt ccaaaaaatt atcattacag tgtaccatat1260
taagccatgt gaataagtag tagtcattat ttgtgaaaaa ttccccaaaa gctggggaaa1320
acaaatgtgt aacttttcca gttacttgac acgattcagt gggggaaaac cagcattttt1380
tattctattg ataccaaagc atttctaata agagcttggt aaatttaaga ataaagttat1440
ttaaaatata aagagtatag tatattaact ggcattgtaa ttttgatgat acaaagattg1500

```

```

aaagatcata ggaaagcatt gcccttcac acagaagtat tcaactctga caaataaata1560
tgatcatcctg aattaaaaat gccttaataa agttacatcc tcctgctaaa aa 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

agaagttccc aggcatacgg ccttacctgg ctacactggc aggcaacttc cgaatgcctg 60
tggtgagggg gtacctgatg tctggaggta tctgccctgt cagccggggac accatagact 120
atttgctttc aaagaatggg agtggcaatg ctatcatcat cgtgggtcggg ggtgcggctg 180
agtctctgag ctccatgcct ggcaagaatg cagtcaccct gcggaaccgc aagggctttg 240
tgaaactggc cctgcgtcat ggagctgacc tgggtcccat ctactccttt ggagagaatg 300
aagtgtacaa gcagggtgatc ttcgaggagg gctcctgggg ccgatgggtc cagaagaagt 360
tccagaaata cattggtttc gccccatgca tcttccatgg tcgaggcctc ttctcctccg 420
acacctgggg gctgggtgcc tactccaagc ccatcaccac tgttgtggga gagcccatca 480
ccatccccaa gctgggagcac ccaaccagc aagacatcga cctgtaccac accatgtaca 540
tggaggccct ggtgaagctc ttcgacaagc acaagaccaa gttcggcctc ccggagactg 600
aggctcctgga ggtgaactga gccagccttc gggggccaatt ccctggagga accagctgca 660
aatcactttt ttgctctgta aatttggaag tgatcatgggt gtctgtgggt tatttaaaag 720
aaattataac aattttgcta aaccattaca atgttaggtc ttttttaaga aggaaaaagt 780
cagtatttca agttctttca cttccagctt gccctgttct aggtggtggc taaatctggg 840
cctaactctg gtggctcagc taacctctct tcttcccttc ctgaagtgac aaaggaaact 900
cagtcttctt ggggaagaag gattgccatt agtgacttgg accagttaga tgattcactt 960
tttgccccta gggatgagag gcgaaagcca cttctcatac aagccccctt attgccacta1020
ccccacgctc gtctagtcct gaaactgcag gaccagtttc tctgccaagg ggaggagt1080
gagagcacag ttgccccgtt gtgtgagggc agtagtaggc atctggaatg ctccagtttg1140
atctcccttc tgccaccctt acctacccc tagtactca tatcgagacc tggactggcc1200
tccaggatga ggatgggggt ggcaatgaca gcctgcaggg gaaagagctt tcgcccgtgg1260
acgattttag ggggggtttc gccaccagtt ggtgtggggg gtta 1304

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gcgaggagct ggcacgcagc cagggccttt gctcaagaag ccataccagc caagaattaa 60
aatctctaaa acatcagtggt atggtgatcc ccactttgtt gtggatttcc ccctgagcag 120
actcacgctg tgcttcaaca ttgatgggca gcccggggac atcctcaggc tgggtctctga 180
tcacagggac tctggtgtca cagtgaacgg agagttaatt ggggcacccg cccctccaaa 240
tggccacaag aaacagcgca cttacttgcg cactatcacc atcctcatca acaagccaga 300
gagatcttat ctcgagatca caccgagcag agtcatcttg gatggtgggg acagactggt 360
gctcccctgc aaccagagtg tgggtggtggg gagctggggg ctggaggtgt cegtgtctgc 420
caacgccaat gtcacgctca ccatccaggg ctccatagcc tttgtcatcc tcatccacct 480
ctacaaaaag ccggcgccct tccagcgaca ccacctgggt ttctacattg ccaacagcga 540
gggccttttc agcaactgcc acggactgct gggtcagttc ctgaatcagg atgccagact 600
cacagaagac cctgcagggc ccagccagaa cctcactcac cctctgctcc ttcagggtggg 660
agaggggcct gaggccgtcc taacagtgaag agggccacca gtcccagtgg tctggaagca 720
aaggaagatt tacaacgggg aagagcagat agactgctgg tttgccagga acaatgccgc 780
caaactgatt gacggggagt acaaggatta cctggcatcc catccatttg acacagggat 840
gacacttggc caggggaatgt ccaggagct ctgaagctgg cagccttaaa gatgcaagtg 900
catgaaggac agtgatgtgg ggaggccgtg gggcagctct tttcatggct tgtacacgcc 960
tcagctcctg gcaattagct ggactccatg acccaccctt ggtgcagcat agatccgacg 1020
tctgtctggg cgaagggtag ggggtgggtag gggcggaag cctgagtga aatgtcattt 1080
ccctctactg cctcttcctg cctctcccca ccctgcccac atccacagag gggagagaag 1140
ggtcatagct aaatgcaaca aagtctgtat cttgtcccaa cctgcttttc tgttctgtta 1200
gcatatcata aagtaagcct ttctggtgaa ggaagggtgc tatgaaactt tttttcttgg 1260
tggaatggc caagtttagg cactctgctt tttgccttac actaatgctt agaaagctgt 1320
cttttcagtg gtgttgacgc cccagatgt gtggccaacc tctgctgcaa aggaatctct 1380
tgctgagtc aggccacca tcaggcaaat agcccatata tttgatcgtt gtaaaccatg 1440
aagtcttttc ttgcaagacg tttttcttct gctgtggtat cttgccctta aaaattagtt 1500
ttcattaaaa agaaatttga ttgaaaataa aaa
1533

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt 60
atthttgttct gtgatggagg acactggaga gaggttgctat tccagtcaat catgtcgagt 120
cactggactc tgaaaatcct attggttctt ttatthttatt tgagtttaga gttcccttct 180
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg gggttatcact tttcctccag ggtagatca 240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc 300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc 360
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc 420
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgacct gatagtagca tgtttctgtt 480
tctgatgtac cthttttctc ttcttctttg catcagccaa ttcccagaat ttcccaggc 540
aattttgtaga ggacctthttt ggggtcctat atgagccatg tcctcaaagc ttttaaacct 600
ccttgctctc ctacaatatt cagtacatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag 660
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa 720
agthtttcaa ttgtactaat aggtctgggg cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt 780
aagctgcttt ctagatctct cccagtggag catggagggt tttctgaatt ttgtctacct 840
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggct aaaaaatgat ggccccctga gctctttgta 900
agaaaggtag atgaaatatt ggatgtaatc tgaaaaaaag ataaaatgtg acttccccctg 960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctttct tgggtcctca tgccacccca1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgtttgaca aagaggtacc1080
aggcaaacct cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aatttcaaag gaaatggacc1140
ctgctthttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcatcgatgt ctgtactgta aatttctaatt1200
ttatcactgt acaaagaaaaa ccccttgcta tttaattttg tattaaagga aaataaagtt1260
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1304

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

gtccctggcg cctgccttt agccgtgggg ccccccacctc caccctctgg gtttcctagg 60
aatgtccagc ctgggagacc ttcacaaagc cttgggaggg tgatgagtgc tggtcctgac 120
aagaggccgc tggggacact gtgctgtttt gtttcgtttc tgtgatctcc cggcacgttt 180
ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctcctagt 240
tgctgaaagt taaggaatgt gtaaaacctc cacgtgactg tttggtgcat cttgacctgg 300
gaagacgcct catgggaacg aacttggaca ggtgttgggt tgaggcctct tctgcaggaa 360
gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tggccacac cctggctctc ctgcagggtcc 420
acacaccttc caggcctgtg gcctgcctcc aaagatgtgc aagggcaggc tggctgcacg 480
gggagagggg agtattttgc cgaaatatga gaactggggc ctctgctcc cagggagctc 540
cagggccctt ctctcctccc acctggactt ggggggaact gagaaacact ttcctggagc 600
tgctggcttt tgcacttttt tgatggcaga agtgtgacct gagagtccca ccttctcttc 660
aggaacgtag atgtcggggg gtcttgccct ggggggcttg gaacctctga aggtggggag 720
cggaacacct ggcaccttc cccagcactt gcattaccgt ccctgctctt cccagggtgg 780
gacagtggcc caagcaaggc ctactcgca gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
tcttgagca tctgccttgt gcctggcact ctgccggtgc cttgggaagg tcggaagagt 900
ggactttgtc ctggccttcc cttcatggcg tctatgacac ttttgtggtg atggaaagca 960
tgggacctgt cgtctcagcc tgttggtttc tcctcattgc ctcaaaccct ggggtaggtg 1020
ggacgggggg tctcgtgccc agatgaaacc atttggaac tcggcagcag agtttgtcca 1080
aatgaccctt ttcaggatgt ctcaaagctt gtgccaaagg tcacttttct ttcctgcctt 1140
ctgctgtgag ccctgagatc ctccctccag ctcaagggac aggtcctggg tgagggtggg 1200
agatttagac acctgaaact gggcgtggag agaagagccg ttgctgtttg ttttttggga 1260
agagctttta aagaatgcat gtttttttcc tggttggaat tgagtaggaa ctgaggctgt 1320
gcttcaggta tggtaaatc aagtggggga ttttcatgct gaaccattca agccctcccc 1380
gccggttgca cccacttttg ctggcgtctg ctggagagga tgtctctgtc cgcattcccc 1440
tgcagctcca ggctcgcgca gttttctctc tctccctgga tgttgagtct catcagaata 1500
tgtgggtagg ggtggacgt gcacgggtgc atgattgtgc ttaacttggt tgtatttttc 1560
gatttgacat ggaaggcctg ttgctttgct cttgagaata gtttctcgtg tccccctcgc 1620
aggcctcatt ctttgaacat caactctgaa gtttgataca gataggggct tgatagctgt 1680
ggtccctctc cccctctgac tacctaaaat caatacctaa atacagaagc cttggtctaa 1740
cacgggactt ttagtttgcg aagggcctag atagggagag aggtaacatg aatctggaca 1800
gggaggggga tactatagaa aggagaacac tggcctactt gcaagccagt gacctgcctt 1860
ttgaggggac attggacggg ggccgggggc ggggtttggg tttgagctac agtcatgaac 1920
ttttggcgct tactgattcc tccaactctc caccaccaca aataacgggg accaatattt 1980
ttaactttgc ctatttgttt ttgggtgagt ttccccctc cttattctgt cctgagacca 2040
cgggcaaagc tcttcatttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaccaca ccaatgatat 2100

```

```

ttttctttgt aatacttgaa atttattttt ttattatttt gatagcagat gtgctatttta2160
tttatttaaat atgtataagg agcctaaaca atagaaagct gtagagattg ggtttcattg2220
ttaattgggtt tgggagcctc ctatgtgtga cttatgactt ctctgtgttc tgtgtatttg2280
tctgaattaa tgacctggga tataaagcta tgctagcttt caaacaggag atgcctttca2340
gaaatttgta tattttgcag ttgccagacc aataaaatac ctggttgaaa tacaaaaaaa2400
aaa
2403

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

cagagtgaag ccttgtgcct ggtgaccaa gtccctccaa agtgctcttc cttctgggtt 60
attcaagcca aatatctggg ttccccctc tcctcattcc ctacaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccct cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcggtgtat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctggggctcag ctttcacggt 300
cgcttttccc ttctgcacca cccaccacag cccaccttgc atgcatggcc agcccctcca 360
ctccagcctg agccatgtgt gccctgcgg gaggacccat tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt ttcaaggcga 480
atgatgggga aggggtcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggccc tgcaccagag 540
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 600
gcactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 660
attttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctcctccct gaatctattt tactgttggt 720
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgctgtctg gccttgaaca tgggctggga 780
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcatgg acatcgagc 840
gacgcagacc ccagcagggt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 900
agggaagagg gcagaggagg gtcatgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggatttg gcgagaaaac aatggagagg 1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacggtgt 1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgcttaa gggacagata catcacatcc taagtttggt 1140
aaaggccttt gacccatgtc atctgagcgt ctcctccagt agctctgaaa gctgtggaca 1200
ccaatggcca ggattccttc tcccctgggt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1260

```

```

ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggagc ccctcctgga1320
caagtgtgat cccctataa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt1440
ggtgagtgtg atcaaatcta gtctcactcc cacttttttag tctcactcct acttttgtcc1500
accaccctg cctcctggat cttctccac ttttttttc agcttttagga cctggggaga1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggcct ccaagagggt1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccagggtcca ggccctggaa tcctgagact1680
cgcgtttcct tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgta1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttcttt agggaaacttg ggagtcgggg ttggagggtgc1800
tgggcaatgg aacttcaaat tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc1860
ctgtaggcca accaattggg ggagtctcag cgataccag gtgagaagtg gttcaccag1920
aggggcaggg tgggggcctc gggcagatct gtccctcttg gccctctgt cctcaaatgt1980
ccaaaatgtt ggaggacctc tgttcataac ccacgcctgg gctcttgcca gcagtggagt2040
tactgtagag ggatgtccca agcttgtttt ccaatcagt ttaagctgtt tgaaactctc2100
ctgtgtctgt gttttgtttg tgcgtgtgtg tgagagcaca tcagtgtgtg caggctgtgt2160
ttccccattt ctctcctccc ttcagaccca tcattgagaa caaatgtaag aaatcccttc2220
ccaccacct cctgcctcc caggccctct gcgggggaaa caagatcacc cagcatcctt2280
ccccaccca gctgtgtatt tatatagatg gaaatatact ttatatattt tatcatcgtg2340
cctatagccg ctgccaccgt gtataaatcc tgggtgtatgc tccttatcct ggacatgaat2400
gtattgtaca ctgacgcgtc ccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 2517

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gtatgccctc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aataccccat 60
ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcgggtattt caccttagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat tttggaaacc 300
tacgttcctt ccactttcct ggtgggtgtg tcctgggttt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcacctg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420

```



```

taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tgttgattat ttcacaattc aaaaccccag 600
taatgttgat cactattcca aactactgtt tcctttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcag gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atgggtgctac aagtgactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat taaaaatgta 960
ctcagggctg tttattcggg ggctccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaal020
ggagaccatt gggtaacctt caagtgtcag aagttgtttc taaagtaact atacatgttt1080
tttactaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt1140
tctagttttt gtttctgggt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tgggaagtcaal200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaa1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattcccat1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat1440
acacacatcc atcctaaact atactaaagc ccttttccca tgcattggatg gaaatggaag1500
atTTTTTTTT aacttgttct agaagtctta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgcaga1560
attgagtcca ttttctagct gcctttattc acatagtgat ggggtactaa aagtactggg1620
ttgactcaga gagtcgctgt ccagtcgtgc attgctgcta ctctaaca 1668

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctccgaggcc aggaacgctc cgtctggaac ggcgcagact tttgccatgg gcttcatgac 60
gggcaccatt tccagtatgt accaaaccaa agccgtcatc attgcaatga tcatcactgc 120
ggtggtatcc atttcagtca ccatcttctg ctttcagacc aaggtggact tcacctcgtg 180
cacaggcctc ttctgtgtcc tgggaattgt gctcctggtg actgggattg tcactagcat 240
tgtgctctac ttccaatacg tttactggct ccacatgctc tatgctgctc tgggggcat 300

```

```

ttgtttcacc ctgttcctgg cttacgacac acagctggtc ctggggaacc ggaagcacac 360
catcagcccc gaggactaca tcaactggcg cctgcagatt tacacagaca tcactctacat 420
cttcaccttt gtgctgcagc tgatggggga tcgcaattaa ggagcaagcc cccattttca 480
cccgatcctg ggctctccct tccaagctag agggctgggc cctatgactg tgggtctgggc 540
tttaggcccc ttctcttccc cttgagtaac atgcccagtt tcctttctgt cctggagaca 600
ggtggcctct ctggctatgg atgtgtgggt acttggtggg gacggaggag ctagggacta 660
actgttgctc ttggtgggct tggcagggac taggctgaag atgtgtcttc tccccgccac 720
ctactgtatg acaccacatt cttcctaaca gctgggggtg tgaggaatat gaaaagagcc 780
tattcgatag ctagaaggga atatgaaagg tagaagtgaac ttcaaggta ctaggttccc 840
ctccacacct tgtcacaggc ttcttgacta cgtagtggga gctatttctt cccccagcaa 900
agccagagag ctttgtcccc ggctcctcgg acacataggg cattatcctg tattcctttg 960
gcttggcata ttttagctca ggaaggtaga agagatctgt gcccatgggt ctccttgctt 1020
caatcccttc ttgtttcagt gacatatgta ttgtttatct gggttaggga tgggggacag 1080
ataatagaac gagcaaagta acctatacag gccagcatgg aacagcatct cccctgggct 1140
tgctcctggc ttgtgacgct ataagacaga gcaggccaca tgtggccatc tgctccccat 1200
tcttgaaagc tgctggggcc tccttgagg cttctggatc tctggtcaga gtgaactctt 1260
gcttcctgta ttcaggcagc tcagagcaga aagtaagggg cagagtcata cgtgtggcca 1320
ggaagtagcc aggggtgaaga gagactcggg gcgggcaggg agaatgcctg ggggtccctc 1380
acctggctag ggagataccg aagcctactg tgggtactgaa gacttctggg ttctttcctt 1440
ctgctaaccg agggagggtc ctaagaggaa ggtgacttct ctctgtttgt ctttaagttg 1500
actgggggat ttctgacttg aggccatct ctccagccag ccactgcctt ctttgtaata 1560
ttaagtgcct tgagctggaa tggggaaggg ggacaagggt cagtctgtcg ggtgggggca 1620
gaaatcaaat cagcccaagg atatagttag gattaattac ttaatagaga aatcctaact 1680
atatcacaca aagggatata actataaatg taataaaatt tatgtctaga agttaaaaaa 1740
aaaaaaaaaa gtaaaattaa tttgtggtt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3479 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg cttcctcaat cggaacacg agtgggaggc 60
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctcctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120

```

```

agaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgctgcttct ggaattccct accacagcga 180
gggccctgtg agtttgaaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa 240
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtag ctcttccaag ccaaagacaa 300
agagaagcgg ttcagccttt ttggcaaaaa gaaatgaact cctttccttc acctcctgcc 360
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420
tcttgccgct tcctatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tctttgggcg 480
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtggg 540
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctctgg gcacacaggt 600
gaggcagctg caggaggatg cagcccgcct ccaggcggcc tatgcggtg acaaggccga 660
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagcctgg aagtcctctc tggacgcctg 720
tgagagccgc aggggtgcggc tgggtggacac aggggacaag ttccgcttct tcagcatggt 780
gcgcgacctc atgctctgga tggaggatgt catccggcag atcgaggccc aggagaagcc 840
aagggatgta tcaatctgtt aactcttaac gaataatcat caaggcatca aagctgaaat 900
tgaatgcagt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaatccc tgttggcgag 960
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa1020
agaaatgata gacaagtggg aagaccgatg ggaatggtta agactgattc tggagggtcca1080
tcagtcttca agagacgcca gtgtggccga ggccctggctg cttggacagg agccgtacct1140
atccagccga gagataggcc agagcgtgga cgagggtggg aagctcatca agcgccacga1200
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga tgagagggtt tctgccctgg aaaggctgac1260
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcgcc1320
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc agagggaagc ggtcccagc agcagtggga1380
tacttcaaaa ggagaacaag tttcccaaaa cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg1440
gatggcagaa acggtggaca caagcgaaat ggtcaacggc gctacagaac aaaggacgag1500
ctctaaagag tccagcccca tcccctcccc gacctctgat cgtaaagcca agactgccct1560
cccagcccag agtgccgcca ccttaccagc cagaacccag gagacacctt cggcccagat1620
ggaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg ggaggccccc aataagaaag cctcaagcag1680
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa taaccaagaa atgggtttct acaaagatgc1740
aaagactgct gcttctggaa ttccctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc1800
tgtctgcgaa gtggcccttg attacaaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaaa1860
tgatggcaat gagtacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca1920
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgaggtg tctgccagca cccagagcac1980
gccagcatcc agccgcgcgc agaccctccc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc2040
cagtcccggc aagcgggaaa aggacaaaag gaaagacaaa gagaagcggg tcagcctttt2100
tggcaaaaag aaatgaactc ctttcttcca cctcctgccc ttctcttacc ttttcagtga2160
aattccagca tgcaagctca gaaccaacac attactctct gtgcctaata ttcctcaatg2220
tgggtgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttct ggggggggtg gggaaacaca2280
cctaaacact ttatctccaa gttacaaaag tttgagggtc agagggaagg ccagattttt2340
tttttaatga aattatatag attagatctc agtattttaa ctgttctctc attttgtgag2400
gctgtgttgg aaataacccg cctctagtgc tgttggtag caaggcagcg gtgcttaatc2460
aatatttctt gtgctacca gaggcaaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc2520
atttacttct ggtggttacc ctgactcttg actcttagaa gtgcccgaga tggggctaac2580
ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa2640
ctctacagac caaaccattt gtatctggca tcacttacta acacacgaca tgcggctttt2700
ctgcatcaac tgctatgacg gtttaagaatg tcagtataca agaaggaata gaaaactgat2760
actgttttaa ataactctga atttcaattt tttttttttt gctgaaatac attatatgt2820
acgtttgaga taattctagt acaaagtata ataaaactag atgtataata aaccctttta2880
atcattggta agtgtagaag tgggtggaact gaagcattta ctggacaaag taatgttact2940
ctaattggtt cttgctcgtg cggtgccaca ctgtgttata atttgcttca tttccttgct3000
atttgataca tagtgtgcat ttctctgtca ctgtaactat tgtaatgaca aattttcatc3060
ttactgcaca atcaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggctggg cctgaacagg3120
gagggtggcg ctgagccctg gtgctcagtc gtacgacctg tacctctcaa cttttgccct3180
atctgtttaa tatatgctat gtcattaaat gctttttaa ctataaaaaa aaaaagttgt3240
tgttcttctt ctgctgcgtg tgcattgccc tgagggaaac tgcaaagggg agaaatgaca3300
aacaagaaac attttacaac cagctctggc tcacttttgc attttttatg catgtctggt3360
gcacaagctt tgaaaaactac agcaaacagt aataaatgtg actgttttgt agttataaga3420
gagaaaaaaa agaaaaaaga ggaaaaaaa agaaagaaaa aagaagagga ggagagaaac 3479

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

gctcctccct tccttctttt tacatttttag tcttagcatt tactttcccc accccacatt 60
cttggaaacag ccttttagttc tacaggaaat ggcactgatg gacagaagac tagcattacc 120
ttcatgaaag ggctgttaga gctgcctggg aagaaggcgt gccttgggga actgggaaga 180
tgccgtcagt gtgggtgggc aggaggacag ccagtcgtcc tgctgccagc ccaatagctt 240
ccagcggcag gtgcccaggt gctaccggag cccctcatag gggtaggggc aggactgca 300
cctcctccag gcactcatcg taagcctcct ggtactcctc atggggcttg accattatca 360
cacaggtggg gcgcttgga cctgcggctg caccagggtc cgttcagagg gaaagaagt 420
gctgtttgga aaaaagctgt acaacctgta tgccagggaag tcaccaactg atgaccacc 480
agcctaactc ggcccacaac catgttctgt tcgggtccatg ttctatttaa aagcatcttg 540
aattggttgc catcatttaa actcaatcag actttgaagg catggtccag ccacacaggg 600
cctacattcc cacatggcaa ctatgaaagg gctccagccc agcaggggct gtcccgggtc 660
ctgccacccc cacttcctgt gcctcagatc tggcccctgt tacgtaagat aaggacagct 720
acaggtccct ctgagcctaa acccacctaa ccggactaac atgggtgaag atcttagctt 780
acaaagctct ttcacataca tctatctctt tattctcata gtccacagat aactgactat 840
ttggttctta ccatcaggcc aaacggtaag ttcccttcaga acagggcctc ctgctttatc 900
ccaagaagtg ataatgtagg tacccaagat cca 933

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
gacttttaaaa aaattttttac agttatTTTT attttgtaga atgagctgaa agccagtgggt 60
ggcgaaatca aaattcataa aatggagcaa aaggagaatg tgccccccagg tcctgagggtc 120
tgcataccccc atcaggaagg ggaaaagatt tctgcaaag agaatagcct ggcagtcctgt 180
tccacccctg ccgaagatga ctcccgtagac tcccagggtta agagtggagg tcaacagcct 240
gtccatccca agccactaag tccagattcc agagcctcca gtctttctga aagttctct 300
cccaaagcaa tgaagaagtt tcaggcacct gcaagagaga cctgcgtgga atgtcagaag 360
acagtctatc caatggagcg tctcttgGCC aaccagcagg tgtttcacat cagctgcttc 420
cgttgctcct attgcaacaa caaactcagt ctaggaacat atgcatcttt acatggaaga 480
atctattgta agcctcactt caatcaactc tttaaatcta agggcaacta tgatgaaggc 540
tttgggcaca gaccacacaa ggatctatgg gcaagcaaaa atgaaaacga agagattttg 600
gagagaccag cccagcttgc aaatgcaagg gagaccctc acagcccagg ggtagaagat 660
gcccctattg ctaagggggg tgtcctggct gcaagtatgg aagccaaggc ctctctcag 720
caggagaagg aagacaagcc agctgaaacc aagaagctga ggatcgctg gccaccccc 780
actgaacttg gaagttcagg aagtgccttg gaggaaggga tcaaatgtc aaagcccaaa 840
tggcctcctg aagacgaaat cagcaagccc gaagttcctg aggatgtcga tctagatctg 900
aagaagctaa gacgatcttc ttcactgaag gaaagaagcc gccattcac ttagtagct 960
tcatttcaaa gcacctctgt caagagccca aaaactgtgt cccacctat caggaaaggc 1020
tggagcatgt cagagcagag tgaagagtct gtgggtggaa gagttgcaga aaggaaacaal 1080
gtggaaaatg ccaaggcttc taagaagaat gggaatgtgg gaaaaacaac ctggcaaac 1140
aaagaatcta aaggagagac agggaagaga agtaaggaa gtcatagttt ggagatggag 1200
aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag ctctctcaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggctga gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcaactacta gaatcagaaa tcccaggatg tggaactctg ggaggagaal 1380
gtgggtcaaa agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtgtttagc 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaal 1560
ttactttgga agtaactttg gaaaagaatt cttctttaa atcaaaaaca aaacaaaaaa 1620
acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc attttagcag 1680
tgatgatatg cataagtgt gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatat 1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctattttgga attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaacatt 1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgtat atttttaaat gaataccaat 1920
ttaatttttt agtatttacc tgtaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatatatat gaggaattta ctactttatg tcctgctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcggtgc ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgtatct 2160
gccagtgaat ttactgtact ccaaagtatt gctttctttt ctggtgatat ctgtgcttct 2220
cataattact gaaagctgca atattttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctct 2280
ccgtgttaga gcaaagtga gagtttaaa gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
```

```

ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccctttt gagacactaa2400
tttttaaata cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcaggggtga2460
aattaaacca actataggcc tttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac2520
attataaact tgagtacatt tgttgtagac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag2580
ggagaggtgt cttaaagctgt aggccttttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt2700
tattcaataa agattttaat taaaatttga aaaaaaagga aaggggaggg ggggtggagg2760
aaaaaaaaa gggcgccgc cgc

```

2783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

gaagctctgt tgtctcggga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctcttttag agggggaaga agataagggg aagagcagct catcccaggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaagta ggttcacga gtcggctcac 180
acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcaccccccag tcgcagacgc caaagcccag 240
gatagaggtg tcgagggaga actgggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggagggc 300
ttggatagaa atgaggaggg cttggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag 360
ggcttgagata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgatc 420
tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acggttggca aggttgcagg tcgtgtgtgt 480
caggeccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagttca ccagaaaact 540
gtcttggggc cagacactgc ggacctgcca cagcagaggc agctgttgcc ccgccgatg 600
ctggcctccc cttgccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga 660
gctgcctgaa gagccttctg tccagcccca ccaaggacag taagccaaat atctctgcac 720
accacatctc cctggcctcc tgccctggac tgaccacccc cagtgaagag ttgccggacc 780
gggcaggcat cctggtggaa gatgccacct gtgtcacctg catgtcagac agcagccaaa 840
gtgtcccttt ggtggcttct ccaggacact gctcagattc tttcagcaact tcagggcttg 900
aagactcttg cacagagacc agctcgagcc ccagggacaa ggccatcacc ccgccactgc 960
cagaaagtac tgtgcccttc agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttggggg 1020
ctgaggatgg atggaccatg gatgcggaag cagatcattc aggaggttct gacaggaacal 1080
gcatggattc cgtggatagc tgttgtagtc tcaagaagac tgagagcttc caaaatgcccl 1140

```

```

aggcaggctc caaccctaag aaggctcgacc tcatcatctg ggagatcgag gtgccaaagc1200
acttagtcgg tcggctaatt ggcaagcagg ggcgctatgt gagttttctg aagcaaacat1260
ctgggtgcca gatctacatt tcaaccctgc cttacaccca gagcgtccag atctgccaca1320
tagaaggctc tcaacatcat gtagacaaag cgctgaactt gattgggaag aagttcaaag1380
agctgaacct caccaatata tacgctcccc cattgccttc actggcactg ctttctctgc1440
cgatgacatc ctggctcatg ctgcctgatg gcatcacctg ggaggtcatt gtgggtcaacc1500
aggtcaatgc cgggcacctg ttctgtgcagc agcacacaca ccctaccttc cagcgctgc1560
gcagcctcga ccagcagatg tacctctgtt actctcagcc tggaatcccc accttgcccc1620
ccccagtgg aataacggtc atctgtgccc cccctgggtg ggacggggcc tgggtggcgag1680
cccaagtgg tgcctcctac gaggagacca acgaagtgg gattcgatac gtggactacg1740
gcggatataa gaggggtgaa gtagacgtgc tccggcaa atcaggtctgac tttgtcacc1800
tgccgtttca gggagcagaa gtccttctgg acagtgtgat gcccctgtca gacgatgacc1860
agttttcacc ggaagcagat gccgccatga gcgagatgac ggggaatata gcaactgctg1920
ctcagggtgac aagttacagt ccaactggct ttcctctgat tcagctgtgg agtgtggttg1980
gagatgaagt ggtgttgata aaccggtccc tgggtggagc aggccttgcc cagtgggtag2040
acagctacta cacaagcctt tgacccccat gctgcttcct gagagtcctt ttttgcaactg2100
ttgaaattgg gcttggcact caagtcaaag atgaacatcg gaataacaaa cattgtcctc2160
tccagaaagt cctttcttcc tccatactgt agtcctattg agaagacatt tcgtctctga2220
gaaaaaagga tggaaactat ggttctcttc gcaaagccaa aggatagtgt ttaacaagcc2280
agctggctta tcctggttct cagctgtttc aaccagattg tcctattccc cctgttccat2340
tcccccttc ttccttctat ctccctcccc ggcaaaaacc aaacaaactg gcagacaggc2400
cagggatgta tgttgcttgc ttgagagggt ttcttttact tcaaaatctt tcttcaggga2460
gcaagacatg aactgactaa ttggtatcca ctacttgtag agcttacata aatgagttga2520
tgatatttaa ccagttttta taaacttcat ttaggtctct aaacacagac tttttaaatt2580
gcaactgtaa atatgaaatg gtcatcacat ctgacctggg tcagtgggga ggggaactgg2640
tatcctgcca agcctgggtg taatttgtaa ccattttcta tttgtgcaaa ctctgtaaat2700
atgtgtttta acaaatgtaa tattttgtac aagatacact ggagaacaaa ggggaactcaa2760
gattcttcca gccacatgct acctgtaggt agaagtaaac tctgcagtgc agcttctgct2820
cttggccccc ctggccaggg cccctgtggc ttcttgca cactggacaggt gactgtatgg2880
tagagactgt gatctgggaa ctttttgctg tacaaatctg tttaaaaaaa agagttgatg2940
atatttaacc agtttttata aacttcattt aggtctctaa acacagactt tttaaaattg3000
caactgtaaa tatgaaatgg tcatcacatc tgaccttggg cagtggggag ggggaactgg3060
atcctgcca gctgggttgt aatttgtaac cattttctat ttgtgcaaac tctgtaaata3120
tgtgtttaaa caaatgtaat attttgtaca agatacactg gagaacaaa ggaactcaag3180
attcttccag ccacatgtca cctgtaggta gaagtaaact ctgcagtga gctctgctc3240
ttggccccc tggccagggc ccctgtggct tcctgcacac tggacagggt actgtatgg3300
agagactgtg atctgggaac tttttgctgt acaaaaagta actcattgaa ttaacttgca3360
gtggtgtgtt tgattctttt ttagactggc ttcagcattg tgcagtttaa a 3411

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1393 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

gaagaagaga aaaaagaggt gatgcttcag aatggagaga cccccaagga cctgaatgat 60
gagaaacaga agaaaaatat taaacaacgt ttcattgtta acattgcaga tgggtggttt 120
actgagttgc actccctttg gcagaatgaa gagcgggcag ccacagttac caagaagact 180
tatgagatct ggcacgcacg gcatgactac tggctgctag ccggcattat aaacctatggc 240
tatgcccggg ggcaagacat ccagaatgac ccacgctatg ccatcctcaa tgagcctttc 300
aagggtgaaa tgaaccgtgg caatttctta gagatcaaga ataaatttct agctcgaagg 360
tttaagctct tagaacaagc tctggtgatt gaggaacagc tgcgcggggc tgcttacttg 420
aacatgtcag aagacccttc tcacccttcc atggccctca acaccgctt tgctgaggtg 480
gagtgtttgg cggaaagtca tcagcacctg tccaaggagt caatggcagg aaacaagcca 540
gccaatgcag tcctgcacaa agttctgaaa cagctggaag aactgctgag tgacatgaaa 600
gctgatgtga ctgcactccc agctaccatt gcccgattc cccagttgc tgtgaggtta 660
cagatgtcag agcgtaacat tctcagccgc ctggcaaacc gggcaccgga acctacccca 720
cagcaggtag cccagcagca gtgaagatgc agactgatac cacctccacc gctgagcagt 780
gaccttcttc acttttctct gtcccagctt ctcccctggg ggcttgagag acctcacct 840
tccttctgcc catcttccat gttgtaaagg aacagcccca gtgcactggg ggaggggagg 900
gagtgagggg cagtgggtgcc ctccctgcag aagagacatg cagcagtagc gctggcgcca 960
tctgcaggag ctggcgggct ggccttctgg accctggctt ctcccactg taacgcctgt1020
tacaacacaa ctgttggtgg ttcttgccag gcttgaagaa aatgatctga attttttctt1080
ccttttggtt ttattttggt gggtttattt gtgttttctt ttctcctttt tggggggtat1140
tcagagttgg ctgggcccct gggcgagaca cagctacctc tgttggcatc tttttaatac1200
caggaaccca gcggtcttag ccactgagcg gctaaatgaa ataaagtgga aaaaaaaaaa1260
aaggaaaaaa ccaaaagcat aaaaaaccac agcaaatttc ttgatgaaaa ttgaaaataa1320
aagtttctct gtatttttaa aagggaaaaa gaaggaaaaa aaggagaggg aaaaaggagg1380
gggggagagg agt 1393

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1236 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gtgggccacc cctaatact attgcttctt aaagggtattt tcacctctt cgcctggtag 60
agccctcaca gctcttcaga gcaagcactg gactacaagg gcatggctca caaaagggtta 120
atggatgggg gttacctagc cctggctaata tccccttcca ttcccaactc tctctctctt 180
tttgaagaaa aatgctaagg gcagccctgc ctgccctccc catccccgc tgtaaataata 240
cactattttt gatagcacac atggggcccc catatctctt ggccttgggt ttgatgttga 300
aatcctggcc ttgggagaga tgccttccag gcagacacag ctgtctgggt caggccaagc 360
ccctttgcaa tgcaagccct ttctgggtgt atgaagtccc tctatgtcgt cgttttcacc 420
agcaactggg gactgtccct tcgacacgga cctgctttga gatttcctga cagggaaaag 480
atttctgtcc atttttttcc tgtgcctaac agcataattg ctttttccta tgtaaataatt 540
atgatgggtg atcaagacat aagtaaatga gcctttctgc ctcacatcag ccctgtgtat 600
aaagccatta ttctctgatg cactgtttgc ccagtaact cactttaaaa cctctctttc 660
cagtgttccc tctctccctc cagggccact gcttgaagaa gaatatgtat gtttctatct 720
tgtatgtctg tgtgcccctc ctgccccgaa agtgctgact atggggaaat ctttttagctg 780
ctgttttttag actccaagga gtggaaatta tgtggaagaa gcaaacctga tacaatttgc 840
ccaaggtaaa cagtttgaaa agacaaatgg gcctgccaaa ctgtacagtt tcttcccca 900
gagctgttag gtatcaaaat gttgtccttt cccccctccg tgcttttctg gttgagatca 960
tgtcattgat gaactgcaa agtcagggga ggagggcaga gactttgtgt ttacatctgc 1020
atttctacat gtttttagaca gagacaattt aaggcctgca ctcttatttc actaaagaaa 1080
aactaatgtc agcacatgtt gctaatagaca gtggattttt ttttaaataa aaaagtttac 1140
agatcaaatg tgaataaaat atgaatggag tggctcctct gtctgttatc tgagttttca 1200
aaagctttaa gactctggga acatctgatt ttatgg 1236

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

ggagatgcag aggtaaaagt gtgagcagtg agtttacttt tcaaggcatc ttagcttcta 60
ttatagccac atccctttga aacaagataa ctgagaattt aaaaataaaa aaatacataa 120
gaccataaca gccaacaggt ggcaggacca ggactatagc ccaggtcctc tgatacccag 180
agcattacgt gagccaggta atgagggact ggaaccaggg agaccgagcg ctttctggaa 240
aagaggagtt tcgaggtaga gtttgaagga ggtgagggat gtgaattgcc tgcagagaga 300
agcctgtttt gttggaaggt ttggtgtgtg gagatgcaga ggtaaaagtg tgagcagtga 360
gttacagcga gaggcagaga aagaagagac aggagggaaa gggccatgct gaagggacct 420
tgaagggtaa agaagtttga tattaagga gtttaagagta gcaagttcta gagaagaggc 480
tggtgctgtg gccagggtga gagctgctct ggaaaatgtg acccagatcc tcacaaccac 540
ctaatacaggc tgaggtgtct taagcctttt gtcacaaaaa cctggcaciaa tggctaattc 600
ccagagtgtg aaacttccta agtataaatg gttgtctgtt tttgtaactt aaaaaaaaaa 660
aaaaaagttt ggccgggtgc ggtggctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccaa 720
ggtgggggga tcacaaggtc actagatgg 749

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtgacccccca taggcctgag gcttgtgag gcagtgggag tggggtaagg cttcctgatg 60
ccccctgtcc ctgccagaa cctgatggcc ctcatagtc cttggctctt atcttggaa 120
cacaggcgct gacagccgtc ccagcccttc tgtctgcggg cctgaaccaa acggtgccat 180
ggggaactgt ctgcacaggg cggagtctcc ccctcaactg agaactcaag tcagctggac 240
ttcgaagatg tatggaattc ttcctatggt gtgaatgatt ccttcccaga tggagactat 300
gatgccaaac tggaagcagc tgccccctgc cactcctgta acctgctgga tgactctgca 360
ctgcccttct tcctcctcac cagtgtcctg ggtatcctag ctagcagcac tgcctcttct 420
atgcttttca gacctctctt ccgctggcag ctctgccctg gctggcctgt cctggcacag 480
ctggctgtgg gcagtgccct cttcagcatt gtggtgcccg tcttggcccc agggctaggt 540
agcactcgca gctctgccct gtgtagcctg ggctactgtg tctgggtatg ctagccttt 600
gccaggctt tgctgctagg gtgccatgcc tccctgggac acagactggg tgcaggccag 660

```

```

gtcccaggcc tcaccctggg gtcactgtg ggaatttggg gagtggctgc cctactgaca 720
ctgcctgtca ccctggccag tgggtgcttct ggtggactct gcaccctgat atacagcacg 780
gagctgaagg ctttgcaggc cacacacact gtagcctgtc ttgccatctt tgtcttggtg 840
ccattgggtt tgtttggagc caaggggctg aagaaggcat tgggtatggg gccaggcccc 900
tgatgaata tcctgtgggc ctggtttatt ttctgggtggc ctcatggggg ggttctagga 960
ctggatttcc tggtgaggtc caagctgttg ctgttggtcaa catgtctggc ccagcaggct1020
ctggacctgc tgctgaacct ggcagaagcc ctggcaattt tgcactgtgt ggctacgccc1080
ctgctcctcg ccctattctg ccaccaggcc acccgacccc tcttgccctc tctgccccctc1140
cctgaaggat ggtcttctca tctggacacc cttggaagca aatcctagtt ctcttccccac1200
ctgtcaacct gaattaaagt ctacactgcc tttgtgaaaa aaaaaaaaaa a 1251

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3283 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ctggcctcag caccttccag aactggttac ctagtaccac cgccacctcc tgggggtggac 60
tcaccagttc caggaccaca gacaatggtg gggagcagac tgccctgagc cccaagagg 120
ccccgttctc tggcatctcc acgcccccg atgtgtcag ttagggcccg gagcctgcct 180
gggaagccgc agccactacc aagggccttg cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg 240
ccgccccagg caggaggagc acggggcttt tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc 300
cacgcttggc aatgctgcag aatgagttgg aggggctggg ggacatcttc caccatga 360
atgcggagga gcaagctcag ctggctgcct ccagcccccg gccaaagggtg ctgtcggcgg 420
aacaggggag ctacttcgtt cgtttagggtg acctgggtcc cagcttcgcg cagcgggcat 480
ttgaacacgc ggtgagccac ctgcagcacg gccagttcca agccaggagc actctggccc 540
agctccagga ctgcttcagg ctgattgaaa aggccagca ggctccagaa gggcagccac 600
gtctggacca gggctcaggt gccagtgcgg aggacgctgc tgtccaggag gagcgggatg 660
ccgggggttct gtccagggtc tgcggccttc tccggcagct gcacacggcc tacagtggcc 720
tggctctccag cctccagggc ctgcccgcgg agctccagca gccagtgggg egggcgcggc 780
acagcctctg tgagctctat ggcacgtgg cctcagctgg ctctgtagag gagctgcccg 840
cagagcgggt ggtgcagagc cgcgagggtg tgcaccaggc ttggcagggg ttagagcagc 900
tgctggaggg cctacagcac aatccccgc tcagctggct gtagggccc ttcgccttg 960

```

```

ccgctggcgg gcagtagctg taggagcctg caggcccggc gcgggggtcgc cctgctctgt1020
ccagggagga gctgcctcag aactttctcc ccgcccccaa acctggatcg gttccctaaa1080
gccctagacc tttggggctg cagctggctg agcgccgagg ggctgcggag gcagtgacct1140
tcttaactga gccacccac gccctgctcc gggcctgcct gcatctccca cctcctcccc1200
agcgctgcct gccctctcgc gagcctgggg tcactcagac caccagccaa gagccttccc1260
ttgaagtccc caagcaagca ctgcaattag gaaagagaaa aagcagcgtg ccagcctgg1320
aagggcacct gtttgccccg ctagcaacct ttttatatct agcagggtc tccagtcct1380
gcagcacggg cccccagcta tcagcgggtg aggcagtgct gtggcatccc aggcctcggg1440
cagctccgtt ctcatgctga aagtgggtct ccggccttag cacacacacc ttgagggtct1500
taagaaccac attccctcat agtagaaagt actagaaaaa gcgacactgc catcatcatc1560
ccaaggcagg ctgctactgc ctttgctgac ccccggggtg gcctcacggg ggggacaaag1620
ctgccaggag ccacagcagc cacagctggg gctttgcacc agcctggctt gagactgagc1680
agtttgaggg ggggtggggg tgcaaaaaac aagcaaacag gctgctgctg cctccagctg1740
cccaccacag gcctgcccc ggacacctgg gctctgaggc ccctggggag gctgggcccc1800
gcagctgccc ctggagaaca cagacaaagg acttccccgc agggaaactgt gccctatgga1860
gggatcagac agggctggga acagccacag aggcctgcgt cctatggcac agcccttcc1920
ccgcccacac ctccccctgg gtcctcaggc ccacccaagc gccgggctgc agaggaagcg1980
gggctgggga ggctgcaggc atcagagaca ctggtggtgg cggacccggc cgccggggcc2040
cgtgctctca ggctagccca ggtcgtggag gctggcaggc tcaggctcgg tgtgagacgt2100
gccgtggctg cgctcagtc agcggggagg agcgcgttcag ccgggcctcc ccaggaagcc2160
atatccccac tcaccgggta agagaacctt gtcgtccctt ttccatgctc tcctaggaca2220
cgagcccagg aacccagac ccagggggag gaaggggtga ggggccccag gggtcaccat2280
gtgcaccagg ggccgtgagg ggccggggca ttcagctcag ctctgaaccg ggaagctgg2340
cacggcaagg actgcctcag gtgacgggac gtgagagggg acgggtcagg agccttccca2400
agccttctcc tcagcccagc acccatggcc atcgagggt aggatgccag acacagccat2460
ttgcagaaat caggcacagt gactgcagct cacgtccagc caaccaagca tggggccgca2520
gctcaggaag tcccttcccg ccacaccaca gcctaattct tactgggacg gaggcaactc2580
ggctacgctg ggcaggacga caaacacgag acgccactgt ggaatgagca acttcggagc2640
acggggtgac ttgcttggga ccgtgcccac gtgacagccc cttatgcaga ggaggaaa2700
gaagcccaga gtgggagggg aacctgtcca aagtccacg gtgtgtgggt gacacagctg2760
gggtgagtcg aggcctggcc ctgaggccca tgctccctga acgctggaga ccactgtcgg2820
ctagcacggc ctctcaggga aggcctgggtc tccacctcc cagcctagcc tcgcggaacc2880
tcgtccctcc cactcgggac ctgctcacct gcctggaccc tgggctgcca gatgcaggaa2940
gcatcaaacc cccagcctc gtgggtgcgg ggcagggcgc aggcagcaca gcttagatgc3000
cctggtttgt ccctcttgtc tcctgggaag agcttgctcc cggccagctc tcctgccact3060
ggcctttcag ggttgggctg ggcccagagt gccttttagt cgcttctcac ggtggcctga3120
tggtcaacc cagtcccaaa cgggcccagt gacactgccg actgcacccc agctcaggcc3180
ccactgcac cagcaatgct agaaaaccaa gccataaaaa gtgatttctt ttttcattaa3240
aaaaaagaaa aaaagagaca gaggaagtag atgctggccg ggc

```

3283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```
agaaaatagtttcaagcagacatagccaa gatcaacttc aaagtttttag attcagaaat 60
gggtggctgtt gtgacggaca aatgggtcccc gtggacctgg gccagctctg tgagggcctt 120
acccttccac ccgaaggaca tcatgggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa 180
ccaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcagga gatgaatcac agaaaatgag 240
aggggactat ggcaagttaa aggccctcat caatagtcgg aaaagtagaa acaggaggaa 300
tcagttgcca gagtcataat attttcttat gtgggtctta tgcttccatt aacaaatgct 360
ctgtcttcaa tgatcaaatt ttgagcaaaag aaacttgctg tttaccaagg ggaattactg 420
aaaaaggtga ttactcctga agtgagtttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt 480
gtatgatagt gactagcact agacatgtca tggctctcat ggtgcatata aatatattta 540
acttaacca gattttattt atatctttat tcaccttttc ttcaaaatcg atatgggtggc 600
tgcaaaacta gaattgttgc atccctcaat tgaatgaggg ccatatccct gtgggtattcc 660
tttctgtgctt tggggcttta gaattctaat tgtcagtgat tttgtatatg aaaacaagtt 720
ccaaatccac agctttttacg tagtaaaagt cataaatgca tatgacagaa tggctatcaa 780
aagaaataga aaaggaagac ggcattttaa gttgtataaa aacacgagtt attcataaag 840
agaaaatgat gagtttttat ggttccaatg aaatatgttg gggttttttt aagattgtaa 900
aaataatcag ttactggtat ctgtcactga ctttgtttc cttattcagg aagataaaaa 960
tcagtaacct accccatgaa gatatttggg gggagttata tcagtgaagc agtttggttt 1020
atattcttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact ttttttgga gttatttaatt 1080
ttatttttaga ctcaaagaat ataactctgc actactcagt tattactgtt tgttctctta 1140
ttccctagtc tgtgtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatttgaa gtatttagact 1200
tctaataaag gggtgaaatc atcagaaaga aaaactcaa tagaaactac taattttttal 1260
agaggaattt ataacaata tggctagttt tcaacttcag tactcaaatt caatgatctt 1320
tccttttatt aaaaccagtc tcagatatca tactgatttt taagtcaaca ctatatattt 1380
tatgatcttt tcagtgtgat ggcaagggtg ttgttatgtc tagaaagtaa gaaaacaata 1440
tgaggagaca ttctgtcttt caaaaggtaa tggtagatag gttcactggg ctctaagtgt 1500
aaaagtagta aattttgtga tgaataaaat aattatctcc taattgtatg ttagaataat 1560
tttattagaa taatttcata ctgaaattat tttctccaa taaaaattag atggaaaaat 1620
gtgaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat attttaaaaa cactactttt gcttttttat 1680
ttacctttta agacattttc atgcttccag gtaaaaacag atattgtacc atgtacctaa 1740
tccaaatatc atataaacat tttattttata gttaataatc tatgatgaag gtaattaaag 1800
tagattatgg cttttttaag tattgcagtc taaaacttca aaaactaaaa tcattgtcaa 1860
aattaatatg attattaatc agaatatcag aatatgattc actatttaaa ctatgataaa 1920
ttatgataat atatgaggag gcctcgctat agcaaaaata gttaaaatgc tgacataaca 1980
ccaaacttca ttttttaaaa aatctgttgt tccaaatgtg tataatttta aagtaatttc 2040
taaagcagtt tattataatg gtttgccctg ttaaaaggta taattaaact tcttttctct 2100
tctacattga cacacagaaa tgtgtcaatg taaagccaaa accatcttct gtgtttatgg 2160
ccaatctatt ctcaaagtta aaagtaaaat tgtttcagag tcacagttcc ctttatttca 2220
cataagccca aactgataga cagtaacggg gtttagtttt atactatatt tgtgctattt 2280
aattctttct attttcacaa ttattaaatt gtgtacactt tcattacttt taaaaatgta 2340
gaaattcttc atgaacataa ctctgctgaa tgtaaaagag aatttttttt caaaaatgct 2400
gttaatgtat actactgggt gttgattggg tttattttat gtagcttgac aattcagtga 2460
cttaatatct attccatttg tattgtacat aaaattttct agaaatacac ttttttccaa 2520
agtgtaaagt tgtgaataga ttttagcatg atgaaactgt cataatgggt aatgttcaat 2580
ctgtgtaaga aaacaaacta aatgtagttg tcacactaaa atttaattgg atattgatga 2640
aatcattggc ctggcaaaaa aaaacatggt gaattcccca aaaaaagaaa gggaggacgg 2700
```

gaggggagaa ggaaggaagg

2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

gccggccgcc ctttttaacc cccttccctt cctttttttt tgttgctgaa tgatatttta 60
ttagcttgat aatttgggcc tgcccttagc attaataagc ttcagcacta gtcacaagac 120
tttcattcac tgggtggggaa actttcttgt tttaaaaaat gcaattcaag aaagggcatc 180
tatttcttgg gggctgcggt gacagcaggc ttctcttcac gggatgatgg aatggcgcg 240
tcagggccag agacctgttt ccttggtcca ttcacagtga ggaccccatc agatgacagg 300
gatgaagtaa tggtagagagg gtctacatca gctgggatcc ggtatttctt gtggaactcc 360
ctggagatga aacctgttgc atcctggcgc tcttcatgtt ttccatgcac ctcaatcaca 420
tctcccaaca ccttaacttt gagttcctct ggggagaagt gcttcacatc cagggtgaca 480
gagaacctgt ccttctccag gcgcctctct gagagtccag tgtcaaacca gctgggtgcc 540
cgcaggaagg aggggtggccg aaggtagaag ggactcaggg aagtagacgt cgggaaaaga 600
tcagactcca acaggtgctc tccgaagaac tgggtcaaaga ggcggctggg ggagtggaaa 660
ggaaagaagg ggcggcggat ccaggggtgg tggatggcga tgtccatggt ggctaggtga 720
gtgtgagggg tcagctggcc tggtcagctc cttcagctgc agctacagcc agccccctat 780
atatgcagtc ttgtgaagct tctggaatgg tgatgtcagg ggttttatta tcctagctca 840
ccagcagttc atggagactt gtgatccggg atttggcaat gtgacacata cccagtactc 900
actgagctaa gaaaagagag acacaaacac gtctgagccg gccagtgact tgtcatggtc 960
ttgtttcact agctttctgt ccacacccaa tggcacccac cccaccctt gttctctgaa 1020
gctggtacag agtcag
1036

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

accacacgggg ctgccctccc ctgcgcactc cctctgctgc ccgggcccgg agcgcagtgg 60
ggccgcacag attcacaatg ttgaaagccc ttttcctaac tatgctgact ctggcgctgg 120
tcaagtcaca ggacaccgaa gaaaccatca cgtacacgca atgcactgac ggatatgagt 180
gggatcctgt gagacagcaa tgcaaagata ttgatgaatg tgacattgtc ccagacgctt 240
gtaaagggtg aatgaagtgt gtcaaccact atggaggata cctctgcctt ccgaaaacag 300
cccagattat tgtcaataat gaacagcctc agcaggaaac acaaccagca gaaggaacct 360
caggggcaac caccgggggt gttagctgcc gcagcatggc aaccagtggg gtgttgcccg 420
gggggtggtt tgtggccagt gctgctgcag tcgcaggccc tgaaatgcag actggccgaa 480
ataactttgt catccggcgg aaccagctg accctcagcg cattccctcc aacccttccc 540
accgtatcca gtgtgcagca ggctacgagc aaagtgaaca caacgtgtgc caagacatag 600
acgagtgcac tgcaggagcg cacaactgta gagcagacca agtgtgcatc aatttacggg 660
gatcctttgc atgtcagtgc cctcctggat atcagaagcg aggggagcag tgcgtagaca 720
tagatgaatg taccatccct ccatattgcc accaaagatg cgtgaataca ccaggctcat 780
tttattgcca gtgcagtcct gggtttcaat tggcagcaaa caactatacc tgcgtagata 840
taaatgaatg tgatgccagc aatcaatgtg ctacagcagt ctacaacatt cttggttcat 900
tcatctgtca gtgcaatcaa ggatatgagc taagcagtga caggctcaac tgtgaagaca 960
ttgatgaatg cagaacctca agctacctgt gtcaatatca atgtgtcaat gaacctggga1020
aattctcatg tatgtgcccc cagggatacc aagtgggtgag aagtagaaca tgtcaagata1080
taaatgagtg tgagaccaca aatgaatgcc gggaggatga aatgtgttgg aattatcatg1140
gcggcttccg ttgttatcca cgaaatcctt gtcaagatcc ctacattcta acaccagaga1200
accgatgtgt ttgcccagtc tcaaattgcca tgtgccgaga actgccccag tcaatagtct1260
acaaatacat gagcatccga tctgataggt ctgtgccatc agacatcttc cagatacagg1320
ccacaactat ttatgccaac accatcaata cttttcggat taaatctgga aatgaaaatg1380
gagagtctta cctacgacaa acaagtcttg taagtgcagt gcttgtgtct gtgaagtcat1440
tatcaggacc aagagaacat atcgtggacc tggagatgct gacagtcagc agtataggga1500
ccttccgcac aagctctgtg ttaagattga caataatagt ggggccattt tcattttagt1560
cttttctaag agtcaaccac aggcatttaa gtcagccaaa gaatattgtt acctaaagc1620
actattttat ttatagatat atctagtga tctacatctc tatactgtac actcaccat1680
aattcaaaca attacaccat ggtataaagt gggcatttaa tatgtaaaga ttcaaagttt1740
gtctttatta ctatatgtaa attagacatt aatccactaa actggtcttc ttcaagagag1800
ctaagtatac actatctggt gaaacttgga ttctttccta taaaagtggg accaagcaat1860
gatgatcttc tgtggtgctt aaggaaactt actagagctc cactaacagt ctcataaggga1920
ggcagccatc ataaccattg aatagcatgc aagggtaaga atgagttttt aactgctttg1980
taagaaaatg gaaaagggtc ataaagatat atttcttttag aaaatgggga tctgccatat2040
ttgtgttggt ttttattttc atatccagcc taaaggtggt tgtttattat atagtaataa2100

```

```

atcattgctg tacaatatgc tggtttctgt agggatatttt taattttgtc agaaatttta2160
gattgtgaat attttgtaaa aaacagtaag caaaattttc cagaattccc aaaatgaacc2220
agatatcccc tagaaaatta tactattgag aaatctatgg ggaggatatg agaaaataaa2280
ttccttctaa accacattgg aactgacctg aagaagcaaa ctcggaataa ataataacat2340
ccctgaattc aggacttcca caagatgcag aacaaaatgg ataaaaggta ttctactgga2400
gaagttttta tttctaagta aaattttaaat cctaacactt cactaattta taactaaaat2460
ttctcatctt cgtacttgat gctcacagag gaagaaaatg atgatgggtt ttattcctgg2520
catccagagt gacagtgaac ttaagcaaat taccctccta cccaattcta tggaatattt2580
tatacgctc cttgttttaa atgtcactgc ttctacttga tgtatcatat ttttaataaa2640
aaataaatat tcctttaga                                     2659

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

tttttttttt ttttttttgt ggtaataaaa tgttgtcaat tttattaaaa gctgattcca 60
tttcttcaca cagttaagta cgtttctttc ttgttttggt aaagccatt tcataagagt 120
gagttggctc tgtgagacca tctactgata agacacatac agttagcacc acacatttat 180
aaatgcagat agccacaatg acctttccaa tatgtacaag ctccatttac acatccacac 240
atgtatttac agctaataaa taaaatgtaa agccagaaca tccttgatat atataacaaa 300
gttttttcgga gccagagttc ccagtgcctt gtgctgcttt agtgaatctt ttaagttaat 360
gcaccctggg tcacaaccca aatccagaaa tttaatgaat taataaaggg gatgccaaca 420
acaaatcata catcatttta tttttagaga gaattcattc caagcctgat gatgttaatc 480
acaacattgg tcctactatt tataggcacg atcatctctc tcagagaaag ggtcgaagtt 540
ctggcacatc aggaacaatt tctactccga catgttccaa tacatccctt gatcgactgt 600
tttcccttcc gaattatgct gaaggacaac acacatgcag agctttctag tatgtgttca 660
gatatcacat actttcacag tcgggttccc agctatagcc tctgagatat ttgacatctt 720
tatcatttca tattttatacg tagaagagca ttctgaaaaa taggagatct agttttataaa 780
tagttgttca ctactcttg attagtgtt aaaaacaaca aatagcaacc ctcatggtac 840
tccatctggc tcattgcacg cgatggttta caagcactgc ttaggaatcc accccaggaa 900
cctctccacc cttttactta gtaaaaacgg tccttgtcta aaatctgtag aagctcacac 960
aatgcaaaat ttgaactcaa acctatcttt tcatgtcaaa gccaggaaca aaagagacgc1020

```



```

actggaagta caactgaagc atgaccaagg taagcctaaa actgaagagt aactgtcaga1080
tattgaatga ttttaaatg atgaaaatca tttggagaat ctaataataa aattacgggt1140
tctttttttt tttctgcacc attcaaatta tgtgtcagct gaggattaca ggctcatttt1200
caacacctac ccagagaaca ttattataat ataatcttga gacaaaaaag aagggggaga1260
gagggattaa gcaataaacg ataaagccta ttaagaatta attgatctag attttatatc1320
tccttgaatt tgtaactttg tcatgatgca ggccaatggg agggactgtt taaaacctct1380
gtgtttatca gaccctttct tctgccctct ccaagttaca tgttcctggg tgacgtctgg1440
accacattcc aatagcaaga gggaaatcatt ctaaaacatc attcatactg ctgtgtagat1500
gagtctgatt cgtgccgcgg aaaagcattt tctgtattct tggagactta gagttaaagt1560
tgagaaggcc tcagtcggaa agatccagaa ttccaattaa aataggagggt tctaaccaat1620
tataggctat ggcccaatac gccacatgaa ggagccttat ttactctgc gctcaaacaal1680
ttatttcttt ctcaaaggac aaaacagcac ttttcatgat ccactgtctt ttaacgttgg1740
aggatgtgct atttgccac tataccccat aaattgaatt agccactttt tagtgcttga1800
gactgtctcc taaaataact aacaagggtt gggctgggat taatattcag gaaaatccac1860
ttttgaaaca ccccaaacac tgggtatggt ttgtaaaagt tacttcctcc acttcattct1920
tcacagaatt cacatgccgt tctttgttct gtatattcgc ccagtttcag cctgacttct1980
tattcagaga cttgtcatgg catttcacaa ataccgcagg tgcctttcct ttctgcaaat2040
gagacacttt ctccctagaa cagaagatca cctttttctg agtctctcct gcttttactc2100
tgatcttctg aatggcgaag ccgggactgc tccaccagtc tgaccagcta aagtatgaat2160
cactcttcca tttgagcttc aacatgagta gttctccaat atctacctct gtgtaaatta2220
ggaaggagta ggtcttattt gtggaaactt caggcagagt gaatgggatg ttctcactct2280
cggccacggg gccatacaga gaaatctcaa aggcctgatt ggtatgggtt tcaactctcag2340
tcccagaaaa atgaatcttt acttggtaat ggaagacttt gtagggcatc tgagaacgag2400
tcttcaggta cattttgctg cttcttttgg ctctgacttt attgatctca tagcccagat2460
tgttgcagcg gttcttttcta caactcaagc agagcccttt ctcaaagggt tccttggaac2520
tgcacctgta ggccttactt ggatttttctt cattcaacag agagtcgatg aagagatgaa2580
tgagagcgctc gtgggagcac ttactagct ggtccacatc tccaagtcct ctctctgcaa2640
tcacgcggat agcttctcca atgttacatc ctggctgaaa agtacctcca ttccgggtaa2700
tgtcaacatg cccaactggg ttctggattc caatgcttcg accaggggac cctctggtga2760
atgtgtgtaa gacgtctaca aaatctgcat catcaggaga aagacgactc ggggcttctg2820
catactcaaa gttaggtcca gctggatcga ggccagtaat tctgttgaac tttcttattg2880
gtcagacttc ctgcaatgcc agcagcatgg gctccaaggc tgtatcccaa gagatggac 2939

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

gcatcgccat gacgccgccc aatgccaccg aagcctccaa gcccgaaggc acaacggtgt 60
gtcctccctg tgacaacgag ttgaaatctg aggccatcat tgaacatctc tgtgccagcg 120
agtttgact gaggatgaaa ataaaaaga tgaaaaaaga aaatggcgac aagaagattg 180
tccccaagaa gaagaagccc ctgaagttag ggcccatcaa gaagaaggac ctgaagaagc 240
ttgtgctgta cctgaagaat ggggctgact gtccctgcca ccagctggac aacctcagcc 300
accatttcct catcatgggc cgcaaggtga agagccagta cttgctgacg gccatccaca 360
agtgggacaa gaaaaacaag gagttcaaaa acttcatgaa gaaaatgaaa aaccatgagt 420
gccccacctt tcagtccgtg tttaaagtga tctcccgggg gcagggtggg gagggagcct 480
cggttggggt gggagcggg gggacagtgc cccgggaacc cgggtgggtca cacacacgca 540
ctgcgcctgt cagtagtggg cattgtaatc cagtgcgctt gttcttgacg cattcccgtc 600
cccttccttc catagccacg ctccaaaccc cagggtagcc atggccgggt aaagcaaggg 660
ccatttagat taggaaggtt tttaaagatcc gcaatgtgga gcagcagcca ctgcacagga 720
ggaggtgaca aaccatttcc aacagcaaca cagccactaa aacacaaaaa gggggatttg 780
gcggaaagtg agagccagca gcaaaaacta cattttgcaa cttgttggtg tggatctatt 840
ggctgatcta tgcctttcaa ctagaaaatt ctaatgattg gcaagtcacg ttgttttcag 900
gtccagagta gtttctttct gtctgcttta aatggaaaca gactcatacc acacttaca 960
ttaaggtcaa gccagaaaag tgataagtgc agggaggaaa agtgcaagtc cattatgtaa 1020
tagtgacagc aaagggacca ggggagaggc attgccttct ctgccacag tcttccgtg 1080
tgattgtctt tgaatctgaa tcagccagtc tcagatgccc caaagtttcg gttcctatga 1140
gccccgggca tgatctgatc cccaagacat gtggaggggc agcctgtgcc tgctttgtg 1200
tcagaaaaag gaaaccacag tgagcctgag agagacggcg attttcgggc tgagaaggca 1260
gtagttttca aaacacatag ttaaaaaaga acaaatgaa aaaaatttta gaacagtcca 1320
gcaaattgct agtcagggtg aattgtgaaa ttgggtgaag agcttaggat tctaattctc 1380
tgttttttcc ttttcacatt tttaaaagaa caatgacaaa caccacttta ttttcaagg 1440
ttttaaaaca gtctacattg agcatttgaa aggtgtgcta gaacaaggtc tcctgatccg 1500
tccgaggctg cttcccagag gagcagctct ccccaggcat ttgccaaggg aggcggattt 1560
ccctggtagt gtagctgtgt ggctttcctt cctgaagagt ccgtggttgc cctagaacct 1620
aacaccccc agcaaaactc acagagcttt ccgttttttt ctttctgta aagaacctt 1680
tcctttgaac ttgattgcct atggatcaaa gaaattcaga acagcctgcc tgtcccccg 1740
cactttttac atattttgt ttcatttctg cagatggaaa gttgacatgg gtggggtgt 1800
cccatccagc gagagagttt caaaagcaaa acatctctgc agtttttccc aagtaccctg 1860
agatacttcc caaagccctt atgtttaatc agcgtatgat ataagccagt tcacttagac 1920
aactttaccc ttcttggtcca atgtacagga agtagttcta aaaaaaatgc atattaattt 1980
cttcccccaa agccggattc ttaattctct gcaacacttt gaggacattt atgattgtcc 2040
ctctgggcca atgcttatac ccagttagga tgctgcagtg aggtgtgtaa gtggccccct 2100
gcgcccttag cctgaccggg aggaaggat ggtagattct gttactctt gaagactcca 2160
gtatgaaaat cagcatgccc gcctagttag ctaccggaga gttatcctga taaattaacc 2220
tctcacagtt agtgatcctg tcttttaac acctttttg tggggttctc tctgaccttt 2280
catcgtaaag tgctggggac cttaagtgat ttgcctgtaa ttttgatga ttaaaaaatg 2340
tgtatatata ttagctaatt agaaatatc tacttctctg ttgtcaaact gaaattcaga 2400
gcaagtccct gagtgcgtag atctgggtct tagttctggt tgattcactc aagagttcag 2460
tgctcatagc tatctgctca ttttgacaaa gtgcctcatg caaccgggac ctctctctgc 2520
ggcagagtcc ttagtgaggg ggtttacctg gaacattagt agttaccaca gaatacggaa 2580
gagcagggtg ctgtgctgtg cagctctcta aatgggaatt ctcaggtagg aagcaacagc 2640
ttcagaaaga gctcaaaata aattggaaat gtgaatcgca gctgtgggtt ttaccaccgt 2700
ctgtctcaga gtcccaggac cttgagtgtc attagttact ttattgaagg ttttagacct 2760
atagcagctt tgtctctgtc acatcagcaa tttcagaacc aaaaggagg ctctctgtag 2820
gcacagagct gcactatcac gagcctttgt ttttctccac aaagtatcta acaaaaacca 2880
tgtcagact gattggcctg gtcattgggt tccgagagag gaggtttgcc tgtgatttcc 2940
taattatcgc tagggccaag gtgggatttg taaagcttta caataatcat tctggataga 3000
gtcctgggag gtccttgga gaactcagtt aaatctttga agaataattg tagttatctt 3060
agaagatagc atgggagggt aggattccaa aaacatttta tttttaaaat atcctgtgta 3120
acatttggtc cttggtacct gtgggttagc atcaagttct cccagggta gaattcaatc 3180

```

```

agagctccag tttgcatttg gatgtgtaaa ttacagtaat cccatttccc aaacctaataa3240
tctgtttttc tcatcagact ctgagtaact ggttgctgtg tcataacttc atagatgcag3300
gaggctcagg tgatctgttt gaggagagca ccctaggcag cctgcaggga ataacatact3360
ggccgttctg acctgttgcc agcagataca caggacatgg atgaaattcc cgtttcctct3420
agtttcttcc tgtagtactc ctcttttaga tcctaagtct cttacaaaag ctttgaatac3480
tgtgaaaatg ttttacattc catttcattt gtgttgtttt tttaactgca ttttaccaga3540
tgttttgatg ttatcgctta tgtaaatagt aattcccgtc cgtgttcatt ttattttcat3600
gctttttcag ccatgtatca atattcactt gactaaaatc actcaattaa tcaataaaaa3660
aaaaaaaaa
3670

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

ctttaaccag ttatttacag tgtgctcatt cgttcagaaa ttagatacaa aatctcaaga 60
cctgttacta ctgattttat taaatcagag tctttaattc ttgcatgttt gtatctaatt 120
tctgaacgaa tgagcacact ttaaccagtt atttacagtt acctttttcc ttaaccgga 180
ttgtgaaagc ttcattgtatt ttaatttaga ttctgtgttt ttaagggttc tgagcatgaa 240
gctggcagat agtcggcagg actcattttt tcatcatggc tggctgattt ctccatagat 300
tgataacagt attttgttat cttgcttctc tgtagttttg catcagctgt ttaactttga 360
gctgagttag gggagagggg taaagagaaa gaaacttaag ttttctttca cagaactcca 420
ccattgtggg ctttgagaga gccctaaagc attgtacctt gtggtacctt gtgacttcca 480
accaaagcct ttgagtatgc actaaatagg tgagaagaaa ggagagaagg tttttagggt 540
agaaaccttt aaccgataga aggatattgt atgttgtaaa gctggaacca agtttgcatt 600
tttgagggct tgagatgaag ggaagactct taccagatag taagacagct gagttttcct 660
cagttttctc gtcttaacac tagtggacaa ttctagcatt ttgtttgagg gatttcagag 720
ttaacctcat ggaattcagg atttttttagc aagtttgctt ttgggttttat cttggctttt 780
agtaatcatg ttggctggtc tggtcacagg tgactgtgaa acagatgccc tggctcttgc 840
ttcatcactc taggatcatg aagtgcctat ctatttctcg gttatgaata ttaaggtttg 900
aattacattt ttattgattg tttggatcag agctcagttc ctgtagaaaa cgaactgtaa 960
aagaccatgc aagaggcaaa ataaaacttg aagtgaatgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
aaaaa
1025

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

ccaggaggct gtagaggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
cggattgctc aaggacccat gggagagagg aggccttgac tgggctgcct gcctgtgagg 120
tctctggact agaggtccaa cgcagtccag ctgacaagga tggatacgc catgaagtcc 180
cttagccttc tctaccccaa gtccctctcc aggcatttgt cagtgcgtac ctctgtggtg 240
accagcagc tgctgtcgga gccagcccc aaggccccc gggcccgcc ctgcccgta 300
agcacggcgg atcgaagcgt gaggaagggc atcatggctt acagtcttga ggacctctc 360
ctcaaggctc gggacactct gatgctggca gacaagccct tcttcctggt gctggaggaa 420
gatggcacia ctgtagagac agaagagtag ttccaagccc tggcagggga tacagtgttc 480
atggtcctcc agaaggggca gaaatggcag ccccatcag aacaggggac aaggcacc 538

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```
gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
aatgtgtata gcgcacttcc catttgtgtt tcagaaagga gtagaatata aacacataat 180
tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
agtaggttga ggacaggaga ggggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
atthttgaacc atgtgactgt attacctatt caaaataaac aataaatggg cccaacagg 360
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
gaggcctgcg cccacaccct ctctgtcca gccctcgccc gcctgggcag ggcccggcgc 60
cgtccgtgga tgagccacag aacctcttcc accttccgag cggagagaag tttccattcc 120
tcttctctt cctctccgc tgccacctcc tctcggcct cccgtgctct cccggccag 180
gacccgcca tggagaaggc cctgagcatg ttttccgatg actttggcag ctatcatg 240
cccactcgg agcccctggc ctccccagcc cgcccgggtg gggcaggcaa catcaagacc 300
ctaggagacg cctatgagtt tgcggtggac gtgagagact tctcacctga agacatcatt 360
```

```

gtcaccacct ccaacaacca catcgaggtg cgggctgaga agctggcggc tgacggcacc 420
gtcatgaaca ccttcgctca caagtgccag ctgccggagg acgtggaccc gacgtcgggtg 480
acctcggtc tgccgggagga cggcagcctc actatccggg cacggcgtca cccgcataca 540
gaacacgtcc agcagacctt ccggacggag atcaaaatct gagtgcctct cccttccttt 600
tccctgtgcc ccccgcccca cgcttgccag caaagcctcg ctaaccccat tacaacagct 660
ccaggacatc tcagcccagg ttctagcccc cagcaccccc agaccccagg tggaccatcc 720
tcccaaacta gggccctcca ctctatccag ggcaggccag ggactccctg gcctgacaca 780
tgatgcccag atttcagatt tggcctccgt cacttaatcc agagtacagg ggctggggtc 840
agggaaaggaa gatctaaaga acccactgtg ggtcagggga atgggaccag caggacatat 900
gggcaagctc tgcaggacag acaggcagac aaaccctctg atctatgaag tctctgcagg 960
gcaaggggac cagggacctg gaaccctctt ggccaagggg agtgggagag acagagggaa1020
ggtcacaggc aagggtgcct atctaagtgg aactaattgc ccgagggtc agcaaggcca1080
agaggagaca gccgtgacgg taaacttccc ctctaccagc ctccaagccc cagccagcg1140
agcaggctgc ctgcccaccc cgtgccccca gccagctggc tgtgccaggg cagagccatg1200
ccacatctgt atatagatgg ggtttttcca atacagctgg ttcgtgataa actgcatgaa1260
actcctgccg tcctgcccct gctggggcct ccaggcaagg ccacgtgggg ttgggggtgg1320
ggctggtcct tctccctccc acaggcctgt gttcttgggg ctgctcccat gcagacagga1380
tcacctaaca gagatggaag ccagggcctg gatggggctt tgggtccctg aggttggacl1440
ccagcttctt gccaccttcc cctccgggca gtcagctctc catccatccc cctctttaat1500
ctatgaatct ataggctcg tgtgtgtaac acacacaccc ctatcgttgt ccttcaaata1560
ctcagcatta ccattggttg aggccaaatt cagagctttc tcaaatacaga tttacaatct1620
ccattttcat taacggggaa acatccccga gccactgagt gctgtgcttt gtcactgaag1680
gttagatctg aaccagggt gtcaacagct gctctcaact cccacctct gggcactgag1740
gagtatttcc cctcattcta cctctctaag gctatgcacc cctccccacg tcttcagct1800
gggggatggg gggagtcata ggaaaagccc cccagtgac tcttggtttc gtctccaca1920
tcagccttaa ccctgggaaa tgccctgctgc cccagtgac tcttggtttc gtctccaca1920
tacagaagca gggtgagggg gaagggtggg tctcagttag caggggtccc cagggcaagt1980
cagcctcctc cctccatgcc tctctgttca gtgtgcctta ggggtggcctc tcaactcccac2040
cactctgggc cccttggggg aggactgggg agggggccgt gggagagccc tgacgctgga2100
acctgtatac acaataaagg acagtctcac agacaaaaag agggcgccctg ccggagttct2160
caaacttagg gcagggcctt acttgagaga aa 2192

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

gtgcggtatgc cggccggcag cagcatcatg gctcacgggc cggcgcgct gatgctcaag 60
tgcgtggtgg tcggcgacgg ggcggtgggc aagacgtgcc tactcatgag ctatgccaac 120
gacgccttcc cggaggagta cgtgccacc gtcttcgacc actacgcagt cagcgtcacc 180
gtggggggcag agcagtacct cctaggactc tatgacacgg cgggacagga agactatgac 240
cgtctgaggc ctttatctta cccaatgacc gatgtcttcc ttatatgctt ctcggtggtg 300
aatccagcct catttcaaaa tgtgaaagag gagtgggtac cggaacttaa ggaatacgca 360
ccaaatgtac cttttttatt aataggaact cagattgatc tccgagatga ccccaaaact 420
ttagcaagac tgaatgatat gaaagaaaaa cctatatgtg tggaaacaagg acagaaacta 480
gcaaaagaga taggagcatg ctgctatgtg gaatgttcag ctttaaccca gaagggattg 540
aagactgttt ttgatgaggc tatcatagcc attttaactc caaagaaaca cactgtaaaa 600
aaaagaatag gatcaagatg tataaactgt tgtttaatta cgtgagaaac atcttcagtg 660
gccaaaggaaa ctgtccattt ctctcagaaa gcaaatgaaa tgctacagct ataccagac 720
cttttatagg taatgaagca gttcaaaact tgaaagaaaa caaaacctgt cctcagaatt 780
ctataaagtg tattaagaat gttcctttaa ggtttaagaa gcagtaagca gcactgaag 840
ccacaactga ttataaatat tttatttcaa ctagaaggta caatctctca ggggtttcat 900
agtttaaaaa gtacaatca catcatgttg taactacgta aaaaacagag ctgtaaatgg 960
aactgcttgg ctttgaccat acacatttct gccagccct tacagaatc gcacaaagaa 1020
atatctccct ttgctccagt taattgttct tgtatgtaag ttgctttcta ttccagtata 1080
tccagagtgg tgaataaaca aggccagcca cgtagccaaa ggtcgctcca agcgtacagg 1140
agatgggcca tacctgagga gagaatgtat gagatcaaaa aagaacaaat gttttattat 1200
tacttgagca caagtgtaac ctaaataatt ctatattaaa gcttaatgtg ctttcttaaa 1260
gaatgccaaa agtgtaataa ggtcataact gcatttatca tgaacactaa aaatgtacac 1320
attttagtta atgtgcatta aactgtaaca aggcttctgg caattgtaga tttagtttga 1380
cgctcccaa agtgcagtag acacatgcta aaattacaaa ttaaaatttt gggtcagact 1440
ttgccataat gatagactca atttagctct ctgaactagt tggtaatttt ttttttttaa 1500
ttcccacttt ggctgtgtac atcaaatgaa atgagaagtg tgtatgctga ccaaaccaca 1560
agaaactttc tttaagttgt gttaaagagg aaagacctag aatccaagcg tgttacatga 1620
aaattgtaac agagcagctg cttccacctt tcagatatag atgttggaac cacagcagaa 1680
gttatagagc gacaacttat atacacacct agaatgtaag ttaaacaaaa taccggcttc 1740
cagagacccc ttttctccag ccatattaca tcaggctaga agtaattaat gttgatttat 1800
ttcatctaca agcagttggt ccctaagtga aaggctctgc ttgaaaaaaa aaagaaaaaa 1860
aagttggagg aaaattttca tgttcttctg tgaagcttat ttggtacact ggagccattt 1920
ctaacttttc tctgggggga acaggccaca gaactgtgtt agaggtgaac catcttaatt 1980
actagttcta ttacctaatt cagcttcctt gtttgggtct ctgtggatct gccttattgc 2040
atatgccatg catcagataa tggatgcac agataatggt gttagacaaa gcttcattgt 2100
gaacaacctt atgcatttta gagaaacaat ctcatcacat ttttcttagc ctttctaca 2160
tttaaacttg ctgttgccca aattataatt ttttaaattg ctttgggtgg cttctgttaa 2220
ttcacatgac ttgagcttat agctatgtct actgcacaga ttgggtaatg gaacactaaa 2280
cttttatact tgaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac 2340
tgtcttggtg tatgtgagct ttgtagagat ttttaaaat ataagcatca cttccccatt 2400
gaagagtggg gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcggaatt 2460
tggatgtctt ctttcttcca agaaatggtg gttcacatta aagtatcatg gccttatgta 2520
tgctcaaatg gaatcttatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta ttttagata 2580
aaattgaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggta 2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaaact tgcctttggg gatttatgag 2700
gatttttttt ggtgggggga gggggctcca attcatatct ctgaaaccct tcacacttgg 2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgccctgcc ctaacagaaa cagattagga 2820
atgtgtctac acaactggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata 2880
aatatgggag gtagaacaga gatctccaac gtctctccca tttatcacag taattttctt 2940
attcacagta at

```

2952

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgtga tccgcccacc ttggcctccc aaagtgttgg 60
gattacaggc gtgactcacc atgcccagcc acttagtttt ttcttattcc cacctttcta 120
tcccatagaa cactcttttt tatcttcctt gaaccatatt gatgagataa atagggctgg 180
gggctggggc ccgctgggtc ctcaacagag tatttccctt ggccgagatg gaagttttgt 240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttggtgc 300
ctggagacgg tggtagcctg aaggcagagg ccagctgccg caagacagca atgacagtcc 360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccttct atcctctgtt 420
cccaaattgg ggtggcactt atcctgaagt cgtcaatgat ttccctttga aactacttta 480
ttttactaat ttaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagttcat gaaaatgctg 540
tgcactcatt ccattggaata aatgttgtaa agctgatctt ttctgatata aaatgttgaa 600
tgataaaaaa aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

ttttactgac cttgctagaa gtttacagca aggaagtgc ggaacatttc acaaactctac 60
aatctgtgag tatcacatcc tgtatagctg taaacactgg aataaggaag ggctgatgac 120
tttcagaaga tgaaggtaag tagaaaccgt tgatgggact gagaaaccag agttaaaacc 180
tctttggagc ttctgaggac tcagctggaa ccaacgggca cagttggcaa caccatcatg 240
acatcacaac ctgttcccaa tgagaccatc atagtgtcc catcaaagt catcaacttc 300
tcccaagcag agaaacccga acccaccaac caggggcagg atagcctgaa gaaacatcta 360
cacgcagaaa tcaaagttat tgggactatc cagatcttgt gtggcatgat ggtattgagc 420
ttggggatca ttttggcatc tgcttccttc tctccaaatt ttaccaagt gacttctaca 480
ctgttgaact ctgcttacc attcatagga cccttttttt ttatcatctc tggtctctta 540
tcaatcgcca cagagaaaag gttaaccaag cttttggtgc atagcagcct ggttggaaagc 600
attctgagtg ctctgtctgc cctggtgggt ttcatatcc tgtctgtcaa acaggccacc 660
ttaaatcctg cctcactgca gtgtgagttg gacaaaaata atataccaac aagaagttat 720
gtttcttact tttatcatga ttcactttat accacggact gctatacagc caaagccagt 780
ctggctggaa ctctctctct gatgctgatt tgcactctgc tgggaattctg cctagctgtg 840
ctcactgctg tgctgcggtg gaaacaggct tactctgact tccctggggt gagtgtgctg 900
gccggcttca cttaaccttg cctagtgtat cttatccctg cactgtgttg agtatgtcac 960
caagagtggg agaaggaaca accagccaat cacgagatac acatgggagg gcatttgcatt1020
tgtgatggaa gacagagaag aaaagcagat ggcaattgag tagctgataa gctgaaaatt1080
cactggatat gaaaatagtt aatcatgaga aatcaactga ttcaatcttc ctattttgtc1140
agcgaagggg atgagactct ggggaagtaa atgactggcc tggcattatg ctatgagttt1200
gtgcctttgc tgaggacact agaacctggc ttgcctccct tataagcaga aacaatttct1260
gccacaacca ctagtctctt taatagtatt gacttggtaa agggcattta cacacgtaac1320
tggatccagt gaatgtctta tgctctgcat ttgcccctgg tgatcttaaa attcgtttgc1380
ctttttaaag ctatattaaa aatgtattgt tgaatcaaaa aaaaaaaggg agtgagaggt1440
ggggtggggg gggggaggag ggggggccgt ttaggggggg ccgggttt 1488

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
ctcgagccga ttcggctcga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtaggtt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtggtttac cttcatttag ctttgggaagt 120
tttctttgcc ttagttttgg aagtaaattc tagttttagg ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaaaattga ccctggatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tataattggtg gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg tttccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaactctt 480
caatataagc tatgaagtaa tagttggttg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaaat ctcttctcct ggcaaaaagc gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaatttac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgat ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaga ttaaatcttg aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttatataatc gcagattagc 1080
tgccataatg ttgccagtag ccacagatta agattatatc ttatataatc gcagattagc 1080
tttagcttag ggggagggtg ggaaagtttg gggggggggt tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc tttaataaag acttgtctta caccgtgctg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaatg acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat cttcctttac ccctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgta 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgccctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agagtccttt ccctttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttatgtc cttgttccta atgtaaaagt gcttaactgc ttcttggttg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact ttttacattt gtgttatatt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgccttt aaaggaaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgtaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatggaa 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaaagt ggtggcaata ttcagtgcct aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgtt caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt ttttcttatg taataccttt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

accagcaagc aaccggccga agtctggaag ggcgccggag ccccgccaac cggccccgacg 60
gagcgcagga gggtccccgc cgccgcgcgc ttggccccga gttcctgcag ccgcagccgg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcccc gctgcggccc gcggctcccg gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaattg cccttccccca 240
tggccagctt gttcatggtg tacacttgta tgagcaacca aagataaaca gacagaaaag 300
caaataatac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaatgaaa acaacttttg 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaatac 420
cgagaacatt aaaaattcgc atttgaagaa atcagcattt ctaactgaag tgagccaaaa 480
ggaaaattat gctggggcaa agtttagtga tccaccttct cctagtgttc ttccaaagcc 540
tcctagtcac tggatgggaa gcactgttga aaattccaac caaacaggg agctgatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaagttca aacttagatt tcagatttca gtatgtgtgt 660
aaaacataat ttttcccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaatt 720
tgcccttggtg caacatacaa ttgcaaaaga tgagtttaaa aaattacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatattttg taaatactgt ataccatgta ttatgtgtat attgttcata 840
cttgagaggt atattatagt tttgttatga aagtatgtat tttgccctgc ccacattgca 900
ggtgttttgt atatatataa tggataaatt ttaagtgtgt gctaaggcac atggaagacc 960
gattttatgt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaa cagctgtcaa atctcaaggt1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatg cactactgaa gtttaaattc gtggcacaat1080
caatgtaagc atgggggttg tttctctaaa ttgatttgta atctgaaatt actgaacaac1140
tcctattccc atttttgcta aactcaattt ctggtttttg tatatatcca ttccagctta1200
atgcctctaa ttttaatgcc aacaaaattg gttgtaatca aatttttaaa taataataat1260
ttggccccc ctttttaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

ccacgtagcc tcgtgccgct gcgtgcagct tctgtctccc tgtttttcta atcaaggggt 60
taggactttg ctatctctga gatgtctgct acttgctgca aattctgcag ctgtctgctg 120
ctctaaagag tacagtgcac tagaggggaag tgttcccttt aaaaataaga acaactgtcc 180
tggtctggaga atctcacaag cggaccagag atcttttttaa atccctgcta ctgtcccttc 240
tcacaggcat tcacagaacc cttctgattc gtaaggggta cgaaactcat gttcttctcc 300
agtcccctgt ggtttctggt ggagcataag gtttccagta agcgggaggg cagatccaac 360
tcagaaccat gcagataagg agcctctggc aaatgggtgc tcatcagaac gcgtggattc 420
tctttcatgg cagaatgctc ttggactcgg ttctccaggc ctgattcccc gactccatcc 480
tttttcaggg gttattttaa aatctgcctt agattctata gtgaagacaa gcatttcaag 540
aaagagttac ctggatcagc catgctcagc tgtgacgcct gaataactgt ctactttatc 600
ttcactgaac cactcactct gtgtaaaggc caacagattt ttaatgtggt ttcatatca 660
aaagatcatg ttgggattaa cttgcctttt tccccaaaa ataaactctc aggcaagcat 720
ttcttttaaag ctattaaggg agtatatact tgagtactta ttgaaatgga cagtaataag 780
caaatgttct tataatgcta cctgatttct atgaaatgtg ttgacaagc caaaattcta 840
ggatgtagaa atctggaaag ttcatcttct gggattcact tctccaggga ttttttaaag 900
ttaatttggg aaattaacag cagttcactt tattgtgagt ctttgccaca ttgactgaa 960
ttgagctgtc atttgtacat ttaaagcagc tgttttgggg tctgtgagag tacatgtatt 1020
atatacagc acaacagggc ttgcactaaa gaattgtcat tgtaataaca ctacttggtal 1080
gcctaacttc atatatgtat tcttaattgc aaaaaaagtc aataatttgt caccttgggg 1140
ttttgaatgt ttgctttaag tgttggctat ttctatgttt tataaaccac aacaaaattt 1200
ccaaaaacaa tgaaggaaac caaaataaat atttctgcat ttcaaatgaa aaaaaaaaaa 1260
aaaaa                                           1265

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

attgcgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgtc gtttatttca atgaaaattt 60
aaatgattct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttacaatg cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctcctataaa ttggcatcta 240
agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

taaatttcca aatgttcaact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcggttctgt taatgggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cttttcaacc 300
cttgtaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taacccaaat gtaaagttct 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg tttcctgatg 480
ttgtaaataa catcaatgca tctgctgtgg gtcctttgct gagatgtctt cgaaggaatt 540

```

```

ttgttttagc catatccatc aactttgtat tttacttgca atttgaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctccctttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggctcact caatcccttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaaata atgcaagtgt 840
atttatttagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctt caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
attcaaggtt acatctgcta gcagagtagt gttaggaacc tggccttact ctccctctgac1020
aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg1080
aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagttgctg1140
aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa1200
gccactgtta ttttcttccc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact1260
ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacattct gcttctggct tatcttcttg1320
gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat1380
tttatgttgt gcttatgtga accccttggt gaaggtccct tttccttgga tgtgtagtta1440
tatgatcttt ttaaattgtac agatatattg ctataaaatc ggtgcagttt tttatggttt1500
ttacatttct cttaatttcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaaata ttgttttaaa1560
atgcactcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat1620
atatatttaa ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagtg1680
tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt1740
tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgttg actcaacatt cacttcgatt1800
aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca1860
atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctatttat taatctacaa atagacaacg1920
ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
tttataaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa2040
actatttaca ctactagaaa gaaaagagaa gaa

```

2073

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

ctattacaca tgagggttttt aatgtattta gacctgacaa taggggtgtc acttagatgt 60
gatctcagtg ttgtgggtaa ctttgtgtgt ctttaattcg aaatctggaa catagatgat 120
gattttttcc tttgaattaa cttaatgtgt tctcttcctt acagatttca gaacttatat 180
ttccacctct tccaatgtgg caccctttgc ccagaaaaaa gccaggaatg tatcgaggga 240
atggccatca gaatcactat cctcctcctg ttccatttgg ttatccaaat cagggagaa 300
aaaataaacc atatcgccca attccagtga catgggtacc tctcctgga atgcattgtg 360
accggaatca ctggattaat cctcacatgt tagcacctca ctaacttcgt ttttgattgt 420
gttggtgtca tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaaagt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaacatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagttgca aataaaaaat agtttgagggc 840
atgaaaaaaa                                     850

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataactttcc atcttccccg ccgctttttg 120
tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaadc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
agaatcgttg aaaaagctag ttatatattca gagaaatgat tttcattatt gaaactgttc 600
tccctagcag gccattttcc ctttttcctg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa aggggaagaaa ggggagaagg gaagagggtta aaaaactaagt gctcagacct 720

```

```

atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
tttgtcatct tccatatttg caggaaggta ttttctgact tgcaatgcag ctgatgtaa 840
aattttattt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggtt 900
cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaatgt aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggtt atgaagtgt 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaaacct ctctggctta tagtctcttc 1080
attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aagggtcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggctttgaa tggaaactta cagcagagag 1320
tcacaggcca cggaacaac aacgacaaca acaaacattt ggaatattat tctcaactca 1380
cgttttaata atacatctta ttatttttct agtagagaaa ctacaaatca gcctcttcaa 1440
catttatata cagtttaata agcctcttgc aagttacttg ttctctcacc tgagggtatt 1500
ttttctctcc caccttgccc ctgttctctc cttctctctc tccctttgca agaggaaata 1560
tttaacatat ttgggtccaa cttcaataat gtaataatta atacattaaa agcatttaac 1620
ttcttttcta gaaaaatgca caggctaagg catagacaaa acaaagagaa atgctgagaa 1680
atgtgccact ggagacaagc aatctgaata aatatttgcc aaaagttctt tttatgtcat 1740
atagtgtcag gatttgaagg agctattttt ttttaatgtt gcaactagca actcatcttc 1800
ggaagacaca gccaggagaa tgaagtagaa gtgaaagggt tataaatcca tttgtaagca 1860
tttatcccat atatttttaa ttcaagaaaa attgtgttta tctttagaat tttgtattca 1920
atactttatg tactatgtga ctcagtcttc tggataaata aagcaccaaa tatgtatctg 1980
taaccacaat cacacatatt atattaaata tatatctata taacagccaa aaaaaaaaaa 2040
agaagagaag aaaaagaaag gagagggggg gggagagaag gggggggagg t 2091

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

ctcgtcccaa accaggacac cctctctaca gtaaatacat gcgtggggat gtacttgtga 60
tgctgaagca gacggaaaat aattacttgg agtgccaaaa gggagaagac actggcagag 120
ttcacctgtc tcaaatgaag attatcactc cacttgatga acatcttaga agcagaccaa 180

```



```

acgatccaag ccacgctcag aagcctgttg acagtgggtgc tcctcatgct gtcgttcttc 240
atgatttccc agcagagcaa gttgatgatt tgaacctcac ttctggagaa attggtttat 300
cttctggaga agatagatac agattggtac agagggaact gtagaaacca gattggcata 360
tttctgcca actatgtcaa agtgattatt gatatcccag aaggaggaaa tgggaaaaga 420
gaatgtgttt catctcattg tgttaaaggc tcaagatgtg ttgctcgggt tgaatatatt 480
ggagagcaga aggatgagtt gagtttctca gagggagaaa ttattattct taaagagtat 540
gtgaatgagg aatgggccag aggagaagtt cgaggcagaa ctgggatttt cccctgaac 600
tttgtggagc ctgttgagga ttatcccacc tctggtgcaa atgttttaag cacaaaggta 660
ccactgaaaa ccaaaaaaga agattctggc tcaaactctc aggttaacag tcttccggca 720
gaatggtgtg aagctcttca cagttttaca gcagagacca gtgatgactt atcattcaag 780
aggggagacc ggatccagat tctggaacgt ctggattctg actggtgcag gggcagactg 840
caggacaggg aggggatctt cccagcagtg tttgtgaggc cctgcccagc tgaggcaaaa 900
agtatgttgg ccatagtacc gaaggggcag gaaggccaaa gccttatatg atttccgagg 960
ggagaatgaa gatgaacttt ccttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaatctgt 1020
agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaatct ggaatatttc caaaaaacta 1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatTTTTT ttaactgaaa 1200
aagaaatatc taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
cagcatgggg aggtcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaaa aaagaggaca ttaataattc 1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaaat 1560
taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
gatagtttac tgactagttg gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgccac 1680
caaaataatc tttatgttac caagtgatc ccatttgtct aaggatttga agggggtct 1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaa 1800
ctaactcttc catatatgtg ccatacttat ttttttctc agtgtatact ttatgttaac 1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt ccttgacaa ttactggacc 1920
caaaggaaaa ttcattttct ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtctgttta 1980
tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaaataat 2100
taagaggaca gaagactggt acttttttgt tttatTTTTT ctctagctta tccctgcaca 2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tggtataaat tctaagctta 2220
agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcatggaa atgtaaaaca 2340
ctttcccaac aatggtcatg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
acattttagc ttttattggt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc acaagtggc 2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatat tcttggtctt 2520
tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acattttatt ttggactatg gggacttcta 2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaaa 2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
ttttaacatc ttatattgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga 2940
gaatggaggt gg
2952

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

cataatagtt aactctactt actgttttta catacatttg atttaacaaa ttgttcagca 60
taacacttct aattaagttt atcaagttgt actgtattag ataatcagca gtgtatctgg 120
agtatgttta aagagaacag ttcgcaatac aaaaagttac atggagcttt acatcttaac 180
tttctttgtc aatttaaatg caatgtataa aaagtttatt ttgctattgt gaaaaactaa 240
atgtaaagga aatcacctac tttcatgcag gtgtataatc ttgaaaagga aaaatgcttc 300
catgttgaag ccagattttc tgtagtaaaa ctttttaaata ttattttaaa agaaatatgt 360
atataaatat ctctatatcc tttggaatga tactaaagtc tctggtctag gaccatacct 420
tatataaagg tataagagac catgacaatg tctgaaaatg gaatagataa tgatgccttt 480
tatttaaaagt ggcccacata atatacattg agtactccat ctctccaaat gtattttccat 540
aatgtgttga aaacatgcta acattttgtat gattttttata cttctgccga atagacttag 600
aatcagatga attgtctgtg tgtcttgcaa aagagttggg gacaacttgg gcaggcctat 660
gaagtgcata gggagtgtat gtcttctgaa tgggttttatt gttcttgtaa tctagcttaa 720
agaaatgtta actgggaggg tgctgaggcc actcactgca ttaattttgt gtgttttagag 780
ttctgtttgc aaaagaaaac taatgaataa attagtttgt cattctagaa tttaaagttc 840
taagattagt ataaagagta tatagattgt taatccccac cagctagact ttgaacttaa 900
gtcagactta aagattttgag aaattatttg tgtcatttac tagacgtgat ttttagttct 960
gtttgattat atttcctaca caaacttctt atttaacagg atagcctact aaattaaatg1020
tttcttattt cacttaactc atttgattaa actgtattct aaaacatttg gggtttttcc1080
ccctattcag tttaaatctt ggaatatgca tttgtaaatt gtgatgtcat tgagactata1140
tttatatttg acttggcaac attaacatgt cctaagactt agtgcagaga agcttggcag1200
tacgttcttt gacttaagga tggcataaaa taatcatttt tgaacctgtg taataaagct1260
tgaaagcagg gaaaagaatt tccttttccc ctttttttgt gttgtctata ggaattaact1320
tgggattgtt ttgtgggttt ttgtttgttt taaatgtaaa ttgagaatct ttataagaal1380
ataaaagcat tattgggtgc ctttgtttgt aaaccaaaaa gtaataaatg aatccctata1440
tttccattat agtattttat gtatttttat gttctgaaaa ttacccatgg aacaatatgc1500
ttaggattac aggaagcagt ccttacttac acttcttgtc tgtttttaggt gtacttgtaa1560
attcttatgt cctaatttta tttaattctg agttccttac acagcatttt agggaaagaal1620
tacaggcagg atgacacttt gtgttaaagt gttattttta tgtattacct ggaatgaggc1680
agggtttttt ctgttttcta aaaagagtaa ccaagatacc tccagggtgt cattgggttc1740
cagctgctct cctccacatt gaatgatatc ttgttaattt ataggcacat ttgtggtaat1800
ttatatgtct atagagtaag tataagagat aattcattag taataggaat taactgacccl1860
cttttggatg ggggagagca tcaggctggg gtcaggtaag tgtaaatggc cttctgagca1920
tgctcttcta ggctgactcc cagccctgac ttgaaaccat tagcgctaac ttgctctgtt1980
ttgagaaaaa ctttccaaac ttttgcata gaaactagaa aaaggaatgt atgccacgta2040
actggattac agaaatgagt taattgtctc tgtgataaaa aaaaaaatg aaatattttc2100
ttattgaatt aatatttttg tcttgaagca ttttctagt atagaatgta tttgtctttt2160
ttcctggtgg taccctctta gcatatatct ttgctatcct taagatccta aacaaatcat2220

```

```

ctttgtcagt taagtatagt tgcgcaaaaa ttgttaaadc ctttgtcttt attaaagaaa2280
aatttgagta acaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aaa                               2313

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagcccgaa ggccaggggg 60
atcccgcggc ggcgccaggg aggcggagga gcaggcgggt gaggcgaggg aggaagagga 120
gcaggacttg gatggtgaga aggggccatc atcgggaagg cctgaggagg ggggacggag 180
aaggcttctc cttcaaatc agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga 240
tgaccaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatccttagc 300
gtcctcctaa aggtttttcc ttttggcac ttaaaagctt gagagataaa acggaaaccc 360
cagagaggag tctgggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaatc tgctgagctc 420
tagaccctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctgggaacac ctttgccct 480
gccctgtgta gagatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttgttaagc tgaagagttt 540
taagaggtag agctcagacc ctggactggg atttttctta ccactcaaac ttgctatcca 600
cacaccctgc acaccttaga taaaaagaac attttaaaag cagagtccac tttcactcca 660
gtctcccctc ttttgccctc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac 720
aaatgaggta gagtcacct gtgtcacca gtcctgcag ggtggtcagc cgacccttt 780
ccctgggaac ccacttctc tctgtggctg gcttggttgt cgggggtgag atgccatatt 840
gattacaggg cagcaaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttatttttc 900
atctagagga atctcggatt cagccctttc attgctaaga caccttttca ctgaggttct 960
taccagctca gccaaatctc cactctgcta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa 1020
gatttcttga cctatgcctt ttcttagaaa gtttgataga ttagttagaa cttcagatca 1080
tcagatcagt ctcaaaggg tttcttgaa ttttatattt gacaatatat atactatacc 1140
aaactcattt gcagttctta gggttggttg ttaaaacatt tttttaagc agtaagttaa 1200
tagaaaatgt tttcatttaa tggaaggctg ggaatgtcc agcatcaacc cctatggcat 1260
gcattcccag tggccttctc atctgggcct ggaacctttg gttcagggct taggggagaa 1320
caggccacat ggcaacagcc acacagtcac tgccttcaac acagagccac gtgtcccca 1380
acagcaatag tcatgccctt gtccaggctg ggatctaatt gatacaatag gtcgttgact 1440
ccctcctagt agagctatct aggtttgtct ggaaagtttc cgaccctggc ttataggcac 1500

```

```

cacacctcat gtactcctca tggcttggat ctctgtattc agcctttggt cagtccaatal560
aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaagg gggagaaggg aagaaggagal620
gggcacaaag gcggaatggg ggtgagcttt 1650

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

cgccccgcgc cggccccgcg ctgtcagctc cctcagcgctc cggccgagggc gcggtgtatg 60
ctgagccgct gccgcagccg gctgctccac gtccctgggcc ttagcttcct gctgcagacc 120
cgccggccga ttctcctctg ctctccacgt ctcatgaagc cgctggctcg gtctgcctc 180
ggcggccccg gcgcccggcaa ggggaccagc tgcgcccgcga tcgtcgagaa atatggctac 240
acacaccttt ctgcaggaga gctgcttcgt gatgaaagga agaaccaga ttcacagtat 300
ggtgaactta ttgaaaagta cattaagaa ggaaagattg taccagtgtga gataaccatc 360
agtttattaa agagggaaat ggatcagaca atggctgcc aatgctcagaa gaataaattc 420
ttgattgatg ggtttccaag aaatcaagac aaccttcaag gatggaacaa gaccatggat 480
gggaaggcag atgtatcttt cgttctcttt tttgactgta ataattgagat ttgtattgaa 540
cgatgtcttg agaggggaaa gagtagtggt aggagtgatg acaacagaga gagcttggaa 600
aagagaattc agacctacct tcagtcaaca aagccaatta ttgacttata tgaagaaatg 660
gggaaaagtca agaaaataga tgcttctaaa tctgttgatg aagtttttga tgaagtgtg 720
cagatttttg acaagggaagg ctaattctaa acctgaaagc atccttgaaa tcatgcttga 780
atattgcttt gatagctgct atcatgacc ctttttaagg caattctaatt ctttcataac 840
tacatctcaa ttagtggtcg gaaagtacat ggtaaaacaa agtaaatttt tttatgttct 900
tttttttggc cacaggagta gacagtgaat tcaggtttaa cttcacctta gttatggtgc 960
tcaccaaacg aagggtatca gctatttttt tttaaattca aaaagaatat ccctttttata 1020
gtttgtgcct tctgtgagca aaacttttta gtacgcgtat atatccctct agtaatcacal1080
acattttagg atttagggat acccgcttcc tctttttctt gcaagtttta aatttccaac 1140
cttaagtga tttgtggacc aaatttcaaa ggaacttttt gtgtagtcag ttcttgcacal1200
atgtgtttgg taaacaaact caaatggat tcttaggagc attttagtgt ttattaaatal1260
actgaccatt tgctgtagaa agatgagaaa acttaagctt tgttttacta caacttgtac 1320
aaagttgtat gacagggcat attctttgct tccaagattt ggggttgggg cactaggggt 1380
tcagagcctg gcagaattgt cagcttttagt ctgacataat ctaagggtat ggggcaaggal1440

```

```

tcacatctaa tgcttgtgtt cettatactc tattatatag tgttattcat gattcagctg1500
atcttaacaa aattcgtagc agtggaacct tgaaatgcat gtggctagat ttatgctaa1560
atgattctca gttagcattt tagtaacact tcaaagggtt ttttttggtt gttttctaga1620
cttaataaaa gcttaggatt aattagaaga agcaatctag ttaaatttcc catttgtatt1680
ttattttctt gaatactttt ttcatagtta tttgtttaa aagattttaa aatcattgca1740
cttgggtcag aaaaataata aatatactt ataaatgtt gattcccttc cttgctattt1800
ttattcagta gatttttgtt tggcatcatg ttgaagcacc gaaagataaa tgatttttaa1860
aaggctatag agtccaaagg aatattctt tacaccaatt cttcctttaa aaatctctga1920
ggaatttgtt ttcgccttac ttttttttct tctgtcaca tgctaagtgg tatccgaggt1980
tcttaatatg agatttaaaa tcttaaaatg tttcttattt tcagcactta catcatttgg2040
tacacagggc caaatagggc aaataatttt gtctttgtat aatagatttg atatttaaag2100
tcaactggaa taggacaagt taatggatgt ttttatattt taatagaatc atttatttct2160
atgtgttatg aaattcactt aatgataaat ttttcaacat acttgccatt agaaaacaaa2220
gtattgctaa gtactataac atattggcca ctaaaattca tattgagatt atcttgggtt2280
cttgaagag ataggaatga gttcttatct agtgttgag gccagcaaat acagaggtgg2340
tttaatcaaa cagctctagt atgaagcaag agtaaagact aaggtttcga gagcattcct2400
actcacataa gtgaagaaat ctgtcagata ggaatctaaa tatttatagt gagattgtga2460
aagcaacctt aaagtgttga agaagactga tgagactagg tgctttgctt cctttcatca2520
ggatcttttc tgtggcattt gagaacagaa accaagaaac atggtaatta ctaaattatg2580
aggctttgct ttttgtttgc ttttaagtag aaaaacatgt tggcaacatt gagttttggg2640
gttgattgag ataatatgac ttaactagtt ttgtcattcc atttgttaaa gatacagtca2700
ccaagaatgt tttgagtttt ttgaaagacc ccaatttaag ccttgcttat ttttaaatta2760
tttccattca gtgatgttg atgtatatca attatttagt aaataatctc aataaatttt2820
gtgctgtggc ctttgctaaa aaaaaaaaaa t 2851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

attccaaaca tggcggctcc. actagggggg atgttttctg ggcagccacc cggteccccc 60
caggcccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct 120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca 180

```

```

tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt 240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttataa 300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa 360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg 420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct 480
cagggtcctt tggcctacct ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca 540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgctgta ggttggccac 600
acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt 660
ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctggt aatttcttga 720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta 780
gcgaagttta gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt 840
ttaaattttt gcatgacttt tcatcttttt atgtgtgttt cctgtagttt gatccgaagg 900
aaaagagtat agtagcctga gaatcaggag atgggagttt tagtcgtagg ccttatgata 960
attaccccg cgtgtgtgtg agaaaagtat gtaaatttgc tctgttttaa gactttgaac 1020
tacctcaaga agaggaatct aatacaatat ttgtaatgtt tccagaaaaa a 1071

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

agcttgccaa ttctgtaact ccttgggata tcttgctgag cttaattgca gctgccactc 60
atgatctgga tcatccagggt gttaatcaac ctttccttat taaaactaac cattacttgg 120
caactttata caagaatacc tcagtactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtgggct 180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga 240
cacagatagg tgctctgata ctaggccacag acatcagtcg ccagaatgag tatctgtctt 300
tgtttaggtc ccatttggat agagggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt 360
tggttttaca gatggctttg aaatgtgctg atatttgtaa cccatgtcgg acgtgggaat 420
taagcaagca gtggagtga aaagtaacgg aggaattctt ccatcaagga gatataagaa 480
aaaaatatca tttgggtgtg agtccacttt gcgatcgtca cactgaatct attgccaaca 540
tccagattgg ttttatgact tacctagtgg agcctttatt tacagaatgg gccaggtttt 600
ccaatacaag gctatcccag acaatgcttg gacacgtggg gctgaataaa gccagctgga 660

```

```

agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact 720
cacagttatt acctcaggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaaactg 780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg gggctcttgag gtgagagaac ttaactcttg 840
actgccaaagg tttccaagtg agtgatgcca gccagcatta tttatttcca agatttcctc 900
tgttggatca tttgaaccca cttgttaatt gcaagacccg aacatacagc aatatgaatt 960
tggttttcat gtgaaacctt gaatatgcaa agcccagcag gagagaatcc gaaaggagta1020
acaaaggaag ttttgatatg tgccacgact ttttcaaagc atctaactctt caaaacgtga1080
aacttgcaatt gttcagcaac aatctcttg g aatttaacca gtctgatgca acaatgtgtal140
tcttgtaact tccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg1200
ctgcctctgg caagacaatg tttacaaatc aactctgaaa atattgggtc taaattgcct1260
tgagagcatga ttgtgaagga accactcaaa caaatttaaa gatcaaactt tagactgcag1320
ctctttcccc ctggtttgccc tttttcttct ttggatgcca ccaaagcctc ccatctgtal1380
tagtttttatt tcatgcaactg gaaactgagc atttatcgta gagtaccgcc aagctttcac1440
tccagtgccg tttggcaatg caatTTTTT tagcaattag tttttaattt ggggtgggag1500
gggaagaaca ccaatgtcct agctgtatta tgattctgca gtgaagacat tgcattgtgt1560
tttactact gtacacttga cctgcacatg cgagaaaaag gtggaatgtt taaaacacca1620
taatcagctc agggatatttg ccaatctgaa ataaaagtgg gatgggagag tgtgtccttc1680
agatcaaggg tactaaagtc cctttcgctg cagtgaagtga gaggtatgtt gtgtgtgaat1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgt gcatgtgtga ctgtgcatgt tatgtttctc1800
catgtgggca aagatttgaa atgtaagctt ttatttatta ttttagaatg tgacataatg1860
agcagccaca ctcgggggag ggggaagggtg gtaggtaagc tgtaacagat tgctccagtt1920
gccttaaaact atgcacatag ctaagtgacc aaacttcttg ttttgatttg aaaaaagtgc1980
attgttttct tgtccctccc tttgatgaaa cgttaccctt tgacgggcct tttgatgtga2040
acagatgttt tctaggacaa actataagga ctaattttta acttcaaaca ttccactttt2100
gtaatttgtt ttaaattgtt ttatgtatag taagcacaaac tgtaatctag ttttaagaga2160
aaccggtgct ttcttttagt tcatttgtat ttcccttggt actgtaaaag actgtttatt2220
aattgtttac agtttgttgc aacagccatt ttcttgggag aaagcttgag tgtaaagcca2280
tttgtaaaag gctttgccat actcatttta atatgtgcct gttgctgtta acttttgatg2340
aataaaaacc tatcttttca taaaaaaaaa aaaaaa 2375

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct 60
cagctgctat gccgtggaag tcctgtttac tttctgcac tgctcctgca agactctgga 120
gccagtcctt aggtcctaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca 180
atgattagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttcctgta aaattcatgt 240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gctttagtaa accactttaa tcatatccag 300
gagtttgcaa gaaacaggtg cttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg 360
tgaccggaac tgtgggctca tcgctggggc tgtcattggg gctgtcctgg ctgtgtttgg 420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt 480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggttaaa acaggcacag aagtttacag 540
acagtttttg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat 600
tcaagtttaag caaagaggtc cttatacgtg cagagttcgt tttctagcca aggaaaatgt 660
aaccaggagc gctgaggaca acacagtctc tttcctgcag cccaatgggtg ccatcttcga 720
accttcaacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc 780
agctgcatcc catatctatc aaaatcaatt tgttcaaagt atcctcaatt cacttattaa 840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggctatag 900
ggatccattt ttgagtttgg ttccgtaccc tgttactacc acagttgggtc tgttttatcc 960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tcctattggg aaagtcactg1080
cgacatgatt aatggtacag atgcagcctc atttccacct tttgttgaga aaagccaggt1140
attgcagttc ttttcttctg atatttgagc gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac1320
atcatatggt gtgctagaca tcagcaaagt caaagaaggg agacctgtgt acatttcact1380
tcctcatttt ctgtatgcaa gtcctgatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaaa1440
tgaagaagaa cataggacat acttgatgat tgaacctata actggattca ctttacaatt1500
tgcaaaacgg ctgcaggtca acctattggg caagccatca gaaaaaatc agtgagtctc1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggaataaca tctggtagta acttatcttt agcttaatgt1680
caccaatcag tattaatatgc ttatgactaa tttcacagat tttggaatgg ttttatgggt1740
ttatttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaa1800
taattaattt ttggaattca tat

```

1823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
tgaactcct gttttccgaa gatcagcaag gcggttctct ggaacagctg ctgcagaggt 60
tctcatcaca gtttgtgagc aaaggcgact tgcagacgat gctgcgagac ctgcagctgc 120
agatcctgcg gaacgtcacc caccacgttt ccgtgaccaa gcagctccca acctcagaag 180
ccgtggtgtc tgctgtgagc gagggcgagg cgtctggaat aacagaggcg caagcacgtg 240
ccatcgtgaa cagcgccttg aagctgtatt cccaagataa gaccgggatg gtggactttg 300
ctctggaatc tgggtggtggc agcatcttga gtactcgtctg ttctgaaact tacgaaacca 360
aaacggcgct gatgagctctg tttgggatcc cgctgtggta cttctcgcag tccccgcgcg 420
tggtcatcca gcctgacatt taccocggta actgctgggc atttaaaggc tcccaggggt 480
acctggtggt gaggtctctc atgatgatcc acccagccgc cttcactctg gagcacatcc 540
ctaagacgct gtcgccaaca ggcaacatca gcagcgcccc caaggacttc gccgtctatg 600
gattagaaaa tgagtatcag gaagaagggc agcttctggg acagttcacg tatgatcagg 660
atggggagtc gctccagatg ttccaggccc tgaaaagacc cgacgcacaca gctttccaaa 720
tagtggaact tcggattttt tctaactggg gccatcctga gtatacctgt ctgtatcggg 780
tcagagttca tggcgaacct gtcaagtga gacactactc attatTTTTg tacatTTTTg 840
tatatactgg gacagcgtga aacactggaa tccttcatgg acgagggcag atacaatgat 900
gggacagtgc cacactcctt caataaacgt ggctgctggc cagaggacgt gagcgtgtga 960
cgggcgccct ggcgccacct gttgggtgct cactgcctct gcaggtgcag aggggtcagc1020
agcaggagaa gcgtgttgaa cacgtggctc tcagacactc cttgttttta acgggaagct1080
ctttgcattt gcatttcttc aacaaaggag caaagcagag gaagctgaga ctctggcgtg1140
ttcttgacgc tttggtcttc agccttgcac tggctcttct aaaggacttt tggagggcag1200
ataatttcat ctgttaaadc caacacacat ttctttcagg gaaaaacaat gtcaccaa1260
tttcagagtt ctaaactcct ttctttcaag ccggaatttt ctttttttca gcaccagtag1320
gtactaagtc tccagatggg gaaataacta aaatgtgttt ttctgctttg ttctgcttta1380
cttctgagga aggtttccag tcaggactcg ctgtaccaat atccatggag gaatatggga1440
gcgtttcgct ctctttagt gctgaagtca gtctgacttg aaggggcctg gtttgatct1500
aagcaaacac ccagatgggg ttctctggtc tcagcaaggc ttttctgtt gggagtcaca1560
gtaaacagaa acccaaaaat ctcatcttgg gtgttttcag ggcttgtttt gagttttgct1620
gaatagggag cgcaagacgc cctgagcctc cctctcactg gtggtgataa gaggagccgt1680
ctggtgtgtc aggggtcacga acccgttaca ttccaggacg atcctttttc cttcagcagc1740
atttcttact ggctgtggct ggaatctgcc ttttatcaca gctgtcacca ttctcacgtg1800
attcttgtga gactcttttt ggttataatt actatttaat atttagacta tttactgag1860
cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttacctaa1920
gaattattta agttgtgttg ggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgttt1980
cagaaaaaga caaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtcctcaa2040
atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttctact ctcttagaa2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcatatatt acaggttaca2160
tatataaatc aaaatttctt atataaaact gatttgggat ttgggggtgga aatattttga2220
atattaattt atttttaaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgtctc caccaaattg ataagatgct2340
attaagaggt ttaaataaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2400
aaa 2403
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

actaagattt tatgttgag atacttctt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
tgacccccag attcatggag gggctttagc aatcagcttt gtacatcatc attttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaatatg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac tgtaggaagt cagtgcagg tgcatgcttg attgatagat attgattgtt 360
tttcagtctc tggggtcagt tttgtggttt ctgctttctt gcctaaatca aagactattt 420
caagtcaaca aactgaaaa ctgcttttcg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttggt caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt tttaatcctc atatctggag tacaagggtg 600
gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcatcag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttatttgtc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatgggtatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcattc acaataagct 900
atgagggtta ataaatatgt gttataacaa gtaaaccgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggctgggtt tcatttccat cttccacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgtatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaaatgcct tatatattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttaal 1140
aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaa aaaaaa 1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1950 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

ggggtcgcgg gccctgattg cgccgtttcc ccgcgcagag ctgcgccggc ccccgacggg 60
ccccggagca gcggcccccg gccggcccgg cctcagcctg gagctccagc taccacatg 120
caccttacct gggttccgcc cggtccctga gtccccacaa aatggctgat ggaggaagcc 180
ccttcctagg tcggagggac tttgtctacc cttcctcaac ccgagaccct agtgcctcta 240
acggaggggg cagcccagcc aggagggaag agaagaagag aaaggccgcc aggtcaagt 300
ttgacttcca ggcgagctcc cccaaggagc tgactctgca gaagggtgac attgtctaca 360
tccacaagga ggtggacaag aactggctgg agggagagca ccacggccgc ctgggcatct 420
tccctgctaa ttatgtggag gtgctgcccg cagatgagat ccctaagccc atcaagcccc 480
cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tggaggtgga gctgtccttc cgcaagggag agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggtg cgagggacgc atcacgggca cggggcgcca aggcattatc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtccc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgtc cagcccgtga ccccgagccc ccctcagccc 780
tgccgagccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctccccccgt cgactggct 840
tctccttccc caccagagag cctagacccc agaccagaa tcttggcacc cctggtccag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc cctggacctc ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat aactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggtttgtggg tgtctcccgg aggaccaga aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccggtgtg agtgggtctc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggaggggagag gacccccgcc cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt ccctcggaac cccctcgaag cccctggac 1320
tgattcccac ccacgactca caggcatttc tcccacagcc ctttcatttc ctccccaccc 1380
cactcccaa atacagaggt ctgctttgaa gcggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgttt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc cccacggggg ttcctctaac cagaaccagc ttcctagcct cgtagagacc 1560
aaaggccgcc ccgcctgct ggggttcctc ccagcaccac agcttgctgg ctgccctctt 1620
tgcttctggt cctccagctg ggtgtggggg gcgggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggcct ggcaagagct ctggcccaa ggcctcctct tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tggccctggc cctggcatat caccgcccac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattcccc agggagactg ctgtgtgctg ccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatccctt ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaag 1920
aaaaaatag attggggggg aggaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggcgag cggggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggcct gggaagggct cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgcggggctg cagcttcctg catgatgctg gggagcttgg cgcccgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgcccc cgaaggtacc caaccctctg 240
ggatagatgc aggaagcgat ggtaaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagctctg 300
gcttaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cctttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
actcaggttt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggt ctgagtaacc ctggtaacaa 540
ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcac ttcccaggct ggcggagaat aaactgccag 660
ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaag ctaaatcttc cctcttaatg 720
aataaagggt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
ttatggtaat ctggaattgt attttgtaat atta 814

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 747 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

tgggcacgcc cggcccgtac cccggcccgc tgtcgccgcc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgacgc ccccgggctc ccgtaccacg 180
tggcactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgtcctgccc agaggagagc agcctgatct 240
ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcggtct attacagcgc gtgcatctcc ggctaggccg 300
ccggcgccgc ccgggtccct gcagcgcttc ctcccgcage ccccgcgacc gatccgaccg 360
cgtcgctgcc gctctgctct ctcatacgcg tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
aggagccagt gatgctcggc cttgcgcccg ttccacctcc caggccaccc ttcctgggct 480
tctgggccac ctgccctcgg ggggcccctg cgagggtgcc tggagttccc acgtgtcccc 540
gggcttttcc aggaagcccg agcccaggac ctggtggcag agttgccagg gttacatttt 600
tgaagcacct gtcctttttc ttgcagtgtg ttttctacaa ccagattgta ttaatatattt 660
ttactttgcc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
taaacttttc ttccaagaga aaggagc 747

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgtgtgtgga agccgcgggg cccggccagg 60
gatcgctgca tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcgga tgctaaggcc 180
gggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggct gtctgcccct ggctgcgct 240
ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccggc cccggggctg ggggtggaga 300

```

```

ccccgggctg agtgctgtgg ctttctgggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
gggatcgag cgttggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgtccc 420
tccccacggt acctgggttcc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagtgg agaacagaac 480
attccataaaa ggatatttcc taataggctg caagatgctg atgccgagaa tgatgatttt 540
ctttcctgca gatgaaacta ttagaaaggg tcttagattg tggcaggtag gctttggagc 600
aggcgccgag acattttctga gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
ctgcgggatg gcgggagagg atgccctgga gaaccgtcct ccagtggtgg aaggcccttt 720
tccctgagga gtgggcattc tgggccagcc ggcgtggctc tcgtgcctcc acgtgggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcggtg gcaatttact gtgctgctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttccagc agccctggc tctgcggcgt ctcttccggg ctgtgggcat 900
gcagggaagt ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcccc gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca1020
gcacctgccc ccgcgccag ccagcccca gcctgagtgc aggagtgcga ggaccgcgg1080
gggcttttcc agctactctg ttccttcacg tcctcccttc tcagcctcgt ccaagcaccg1140
ggaagacctc caggctgacc ccttgagcag cagtcagcac aggtgcgtgg gggcgtgagg1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcgccttcc tctgtccttc ctgctcttcc ttctctgccc1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggc ttctgtgtgt1320
ggtgtctgga cccacaggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggtgg ggtctgtgt1380
ggtccttcca cgggtgtcagt ggcctgaagt ccctcgcttt tggggggggg gtctctcacc1440
cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggtgt1500
ggatgctctg tgaccccagc tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatttcac1560
cctgcagtga gggaagaggc caccagggtg cagcacagcc acaccgttc ccacgtcaga1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttc aggagtgaal680
atccacctgt ctccatcttc cttgcctgcc tgggtactca tgccaagcag agactgggat1740
taggggttct gtgctcttgc ctaattagga acattctccc atgtctcttg tgtggtccca1800
gaaggagaag tgagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgc1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgctgcc1920
ggggactgtc ctgggtggac ggcaggtgaa cacaagcggc tgccgcatgt agccactcac1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctcttt gagcctttct gtctcatttg2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtcctctgca gtgggggttg2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt tttaagtgt2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt attttctcac2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aagggggcct agtagagcgt ggctgtggc2280
agaatcgcac cgccccggct cccagcccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaaac2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgcccct ctgtgggtg taactgcgct gaaataaatg2400
atctgacaat gtgaaaaaa

```

2419

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

IASARLEEV T GKLQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPQS 60
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKAAVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120
SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIPT DRHIWITAAG LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180
SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360
PPPGCS

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```

MRTSKFILFI FSDVGNGLG F KRELEEGMFD SHRRFLQOMP LLAISHFFPQ ILPTEAQFT 60
VS

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

```

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNQ QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIP 60
PKPLVCAELA L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60
HAASSGDLTC GVCALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR120
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF180
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLP AEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG240
SPPFPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA300
KGNAGKVNLP KelpADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP360
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
KRCQRKQPLR GIGILKQ AID KMQMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL120
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD180
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA240
SINQKDG MVS FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG300
SQEDDSGNKP SSYS                                     314
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGFYSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WVEEINRAGM EWYQTCSNNG LVAGFQSRYP120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTTFSAYER180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

MGNGLSEERG NNFNHISPIF VVPHPRSVIQ QAEEKLHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE120
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDDEEEED EGAEAKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA240
KLGKKVI 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMS GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNIIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLRNRK 60
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF120
SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP180
ETEVLEVN 188

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDPLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ240
RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM TLGQGMSREL 290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPSGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VP GALPLAVG PPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSDADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPKG 60
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDQPAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV120
KGCSTLPPN LLEDPECGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
AEKKSGRRSR RQGWTKVGV RLKSGSETRF DHTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR180
ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

SEARNAPSGT AQTfamGFMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT120
ISPEDIYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHFS LSIYFPHPPTF LEQPLVLQEM ALMDRRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNIDEFGH RPHKDLWASK180
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQKEK EDKPAETKKL240
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV360
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS420
SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMLKS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60
CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 324 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPPEEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN120
AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ180
LQDCFRLIEK AQQAPEGQPR LDQSGGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL240
VSSLQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL300
LEGLQHNPPPL SWLVGPFALP AGGQ 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE ASKPQGTTCV PPCDNEKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNGADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK120
WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

(A) LÄNGE: 27 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIK KASCILI

27

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVFMVLQ120
KGQKWQPPSE QGTRH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

(A) LÄNGE: 193 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
EACHTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSSAATS SSASRALPAQ 60
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RPKGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII120
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT180
EHVQQTFRTE IKI 193
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM
```

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQQK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60
REILC 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF240
PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVQ QIYSFLKLLK 60
K 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60
LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENNEW120
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP180
PSHWMGSTVE NSNQNRELMA VHLKTLLKVQ T 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGVLP SQQTPLI 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFDPDVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60
AISINFVFYL QFGRRKVT 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLKSGPTAD ALMLFTTSGN QVGHDGTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60
KIPNQIKSYC FD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

LNVFSSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNGHQNH Y PPPVPFGYPN QGRKNKPYP 60
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ KFO 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138:

(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF120
PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIIILKEYV180
NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE240
WCEALHSFTA ETSDDLSEFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS300
MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI360
QFLQIS 366

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

MNPYISIIIV IVFLCSENYP WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60
FRERIQAG 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY

22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACITLG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

MPKGKAFRRRT LRITSLFFSS LLLLQLLFH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPELPQPR 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLQT RRPILLCSPR LMKPLVVFVL 60
GGPGAGKGTQ CARIVEKYGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI120
SLLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNQD NLOGWNKTMD GKADVSVFLF FDCNNEICIE180
RCLERKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDL YEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV240
QIFDKEG                                     247
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQOVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T                                             181
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```
MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHP EYTCLYRFRV HGEPVK 236
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

```
MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTTYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKRSR KINKTFLTNS CTIFSFLPV DEKSGLRQAS YF

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFQAO SPKELTLQKG DIVYIHKEVD120
KNWLEGEHHG RLGIFFANYV EVLPADEIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS180
FRKGHEICLI RKNVENWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT240
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR300
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMQQ CDDGWVFGVS360
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCRKRWLRP IFTQLLAADV LTTRSSFPV 60
SRFLQHQANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGCQMSC PNSAGLQLPA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

GTPGPYPGGL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTEF DQYLNCSTRTR PDAPGLPYHV 60
ALAKLGPRAM SCPESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKGYFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR120
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWG G AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

GHLRSVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60



SSTCPRQPS PSLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP

109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60
AEKKSSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPPRTPV GLAPGCRGSA EGASCPISLA120
NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTPNPSLC LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

```

GCGGGTGACG CGACGACGGC TCGACACTTT GCTACGGAGT GCATCGGACG TCGAAGCCTA 60
GAGTCTCTGC GTCTTTCCCT CTTCCGCTGC CTCATTCCTT TCCTTCCTAG CCTTGGTCGT 120
CGCCGCCACC ATGAACAAGA AGAAGAAACC GTTCCTAGGG ATGCCCGCGC CCCTCGGCTA 180
CGTGCCGGGG CTGGGCCGGG GCGCCACTGG CTTCAACCACG CGGTCAGACA TTGGGCCCCG 240
CCGTGATGCA AATGACCCTG TGGATGATCG CCATGCACCC CCAGGCAAGA GAACCGTTGG 300
GGACCAGATG AAGAAAAATC AGGCTGCTGA CGATGACGAC GAGGATCTAA ATGACACCAA 360
TTACGATGAG TTTAATGGCT ATGCTGGGAG CCTCTTCTCA AGTGGACCCT ACGAGAAAGA 420
TGATGAGGAA GCAGATGCTA TCTATGCAGC CCTGGATAAA AGGATGGATG AAAGAAGAAA 480
AGAAAGACGG GAGCAAAGGG AGAAAGAAGA AATAGAGAAA TATCGTATGG AACGCCCAA 540
AATCCAACAG CAGTTCTCAG ACCTCAAGAG GAAGTTGGCA GAAGTCACAG AAGAAGAGTG 600
GCTGAGCATC CCCGAGGTTG GCGATGCCAG AAATAAACGT CAGCGGAACC CACGCTATGA 660
GAAGCTGACC CCTGTTCTTG ACAGTTTCTT TGCCAAACAT TTACAGACCG GAGAGAACCA 720
TACCTCAGTG GATCCCCGAC AAATCAATT TGGAGGTCTT AACACACCCT ATCCAGGTGG 780
ACTAAACACT CCATACCCAG GTGGAATGAC GCCAGGACTG ATGACACCTG GCACAGTGAG 840
CTGGACATGA GGAAGATTGG CCAAGCGAGG AACACTCTGA TGGACATGAG GCTGAGCCAG 900
GTGTCTGACT CCGTGAGTGG ACAGACCGTC GTTGACCCA AAGGCTACCT GACGGATTTA 960
AATTCCATGA TCCCGACACA CGGAGGAGAC ATCAATGATA TCAAGAAGGC GCGACTGCTC 1020
CTCAAGTCTG TTCGGGAGAC GAACCCTCAT CACCCGCCAG CCTGGATTGC ATCAGCCCGC 1080
CTGGAAGAAG TCACTGGGAA GCTACAAGTA GCTCGGAACC TTATCATGAA GGGGACGGAG 1140
ATGTGCCCA AGAGTGAAGA TGTCTGGCTG GAAGCAGCCA GGTTCAGCC TGGGGACACA 1200
GCCAAGGCCG TGGTAGCCCA AGCTGTCCGT CATCTCCAC AGTCTGTCAG GATTTACATC 1260
AGAGCCGCG AGCTGGAAAC GGACATTCTG GCAAAGAAGC GGGTTCTTCG GAAAGCCCTC 1320
GAGCATGTTC CAAACTCGGT TCGCTTGTGG AAAGCAGCCG TTGAGCTGGA AGAACCTGAA 1380
GATGCTAGAA TCATGCTGAG CCGAGCTGTG GAGTGCTGCC CCACCAGCGT GGAGCTCTGG 1440
CTTGCTCTGG CAAGGCTGGA GACCTATGAA AATGCCCGCA AGGTCTTGAA CAAGGCGCGG 1500
GAGAACATTC CTACAGACCG ACATATCTGG ATCACGGCTG CTAAGCTGGA GGAAGCCAAT 1560
GGGAACACCG AGATGGTGGA GAAGATCATC GACCGAGCCA TCACCTCGCT GCGGGCCAAC 1620
GGTGTGGAGA TCAACCGTGA GCAGTGGATC CAGGATGCCG AGGAATGTGA CAGGGCTGGG 1680
AGTGTGGCCA CCTGCCAGGC CGTCATGCGT GCCGTGATTG GGATTGGGAT TGAGGAGGAA 1740
GATCGGAAGC ATACCTGGAT GGAGGATGCT GACAGTTGTG TAGCCACAA TGCCCTGGAG 1800
TGTGCACGAG CCATCTACGC CTACGCCCTG CAGGTGTTCC CCAGCAAGAA GAGTGTGTGG 1860
CTGCGCGCCG GTACTTTCGA GAAGAACCAT GGCATCTGGG AGTCCCTGGA AGCATTCTGT 1920
CAGAGGGCTG TGGCCCACTG CCCCAGAGCA GAGGTGCTGT GGCTCATGGG GCCTAAGTCC 1980
AAGTGGCTGG CAGGGGATGT GCCTGCAGCA AGGAGCATCC TGGCCCTGGC CTTCCAGGCC 2040
AACCCCAACA GTGAGGAGAT CTGGCTGGCA GCCGTGAAGC TGGAGTCCGA GAATGATGAG 2100
TACGAGCGGG CCCGAGGCT GCTGGCCAAG GCGCGGACAG TGCCCCCACC GCGGGGTGT 2160
TCATGAAGTC TGTGAAGCTG GAGTGGGTGC AAGACAACAT CAGGGCAGCC CAAGATCTGT 2220
GCGAGGAGGC CCTGCGGCAC TATGAGGACT TCCCCAAGCT GTGGATGATG AAGGGGAGCA 2280
TCGAGGAGCA GAAGGAGATG ATGGAGAAGG CGCGGGAAGC CTATAACCAG GGGTTGAAGA 2340
AGTGTCCCA CTCCACACCC CTGTGGCTTT TGCTCTCTCG GCTGGAGGAG AAGATTGGGC 2400
AGCTTACTCG AGCACGGGCC ATTTTGAAA AGTCTCGTCT GAAGAACCCA AAGAACCCTG 2460
GGCTGTGGTT GGAGTCCGTG CGGCTGGAGT ACCGTGCGGG GCTGAAGAAC ATCGCAAATA 2520
CACTCATGGC CAAGGCGCTG CAGGAGTGCC CCAACTCCGG TATCCTGTGG TCTGAGGCA 2580
TCTTCCTCGA GGCAAGGCCC CAGAGGAGGA CCAAGAGCGT GGATGCCCTG AAGAAGTGTG 2640
AGCATGACCC CCATGTGCTC CTGGCCGTGG CCAAGCTGTT TTGGAGTCAG CGGAAGATCA 2700
CCAAGGCCAG GGAGTGTTTC CACCGCACTG TGAAGATTGA CTCGACCTG GGGGATGCCT 2760
GGGCCTTCTT CTACAAGTTT GAGCTGCAGC ATGGCACTGA GGAGCAGCAG GAGGAGGTGA 2820
GGAAGCGCTG TGAGAGTGCA GAGCCTCGGC ATGGGGAGCT GTGGTGCGCC GTGTCCAAGG 2880
ACATCGCCAA CTGGCAGAAG AAGATCGGGG ACATCCTTAG GCTGGTGGCC GGCCGCATCA 2940
AGAACACCTT CTGATTGAGC GGTGGCCATG GCCGGTCTCC GTGGGGCAGG GTTGGGCCGC 3000
ATGTGGAAGG GCTCTGAGCT GTGTCTCCT TCATTAAAAG TTTTATGTC TCGTGTGAGA 3060
AAAAAAAGA AAAGAAAAA GGGGGCGCCC GGGGGC

```

3096

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1987 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
CTTTGAATTT TAGAATGTCA TGTGTTCTTT TAAAAAATT AGCTCCCCAT CCTCCCTCCT 60
CACGCGCTCC CTCCCTCCTT CTCTCTCTCT CTCTCTCTCC CTCTCTCACA GACACACACA 120
CACACACACA CACACGCACA CGCACGTCCA CACTCACATT AAATAAAAGC TTTATTTGAA 180
GCAAAGCTAG CCAAATTTCT ACGTTACTTT TCCCTTGACT GGATCCCAAG TAGCTTGGAA 240
GTTTTTGTGC CCAGGAGAGT AAATAACTGT GAACAAGAGG CTCTGCCCTT AGGTCTTTGT 300
GGCTGTTTAA GTCACCAACA ATAGAGTCAG GGTAAAGAAT AAAAACACTT TCATAGCCTC 360
ATTCATTCAC TTAGAAGTGG TAATAATTTT TCCCTAATGA TACCACTTTT CTTTTCCCCC 420
TGTACCTATG GGACTTCCAG AAAGAAGTTA AATTGAGTAA AATCATCAGA AACTGAATCC 480
ATGTAAGAAA AAATAATTGT TGAAGAAAGA AGTTGATAGA ATTCAAAAAG GCCATCTTTT 540
TGCTTTCACA TCAATAAAAT TTACCAAGTA ATAGATCAGT ACTCACTAAT ATTTTGTAGA 600
CCATAGTTGT CTGGTCAGAA AAATTATATT AAATTAGTAA ATTCTAGAAG CTCTTTAAAA 660
GGGAAGTTTT CTTTCTTCTC CAATTATAGG AGTTGATTTT TACTTTGCAA AGTGGCTCGG 720
TCCTCATGAG CATCTGCATG TTGACTCTTC AGTTAAGAAA ATTGTTGTTC ATTTAGGGAG 780
GTGGATATTC TGATGAAGAT CTTTATCCTA AACCTTCCTA CTATCCTTGT CTTATTCATC 840
AAGCAGATAT TTTAGTCAAG AATTCCAGAG AAGGCTGCTC CTAAAATGTC TACTTGCAGC 900
CCAATACCAG AGCATAAACT ATCCATTCTG GGGTCTGGCT TTAGAAATCA TCTTTGTGGG 960
AAGACCTAAT TCTTCACAGC AAGGATCTCA GGCATGCCTT CTAGATTGTG TCCCTCTGAG 1020
GGGCAGGAAT GAACTGTAGA AATGTTTTAA GGACCCAGAA ACCCATATG TCTCATTCAC 1080
TGACTATAGG TGAGAGAATT CTTTCTAAG AGGGTTTGAT ACCAATAGGG GAAAATGTAA 1140
AATGTTCAAG CTTTATGACA ACCTGGCATA AAGGAGTCAA TTCTTATGAA AGAGACACAA 1200
GGGCCATTAT GCCAGGGTTT CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC 1260
CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA CATTCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT 1320
GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT 1380
CCATAATGTG GAGACTAGTA ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG 1440
ATTCATCCCA AAGCCTTCCC ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG 1500
CAGAGAGTTT CCCTAGATAT ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG 1560
CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTGTTG 1620
```

```

GTGTTGTGTA GAGAATAGGA CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA1680
AGAATGGATG TGGTTCCTTCT TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG1740
ACCATAGCA TCATTTAGCA GTTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG1800
AGTAACATAA CAGTATTACC CTTTCACTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC1860
TTATTTATGT AGTCACTGTA TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAGTT AATTTTGAAA1920
AATCAAAAAA AAAAAA AAAAGTCGACC GGCAGCGAAT TTAGTAGTAG TAGTAGTAGT1980
AGTAGGC

```

1987

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1107 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```

GGGCCGGGCA GCCCAGCTGA AGGCAATAAG CTGGGCTCAC CGCTGCAGCA GAGTTCTGTG 60
CTAGCCGGGC ATAGGGGCGA GAGAAGGCC AGAGGCGACG TCAGAGAGAA GCAACTGCGC 120
CCCGGTGAAG AGAAGCTCGC CCATCACCGG CTGGGAGCCA GCTTTCAGTG AAGATGGCAG 180
GGCCAGAACT GTTGCTTGAC TCCAACATCT GCCTCTGGGT GGTCCCTACCC ATCGTTATCA 240
CTCTTCGTAG ACATGATCCG CCACTACGTG TCCATCCTGC TGGAGAGCGA CAAGAAGCTC 300
ACCCAGGAAC AAGTATCTGA CAGGGGACGA GGCACCCACA GTCCCTCTCC CATAAGCCTG 360
CCAAGAAGAT TGATGTGGCC CGTGTAACGT TTGATCTGTA CAAGCTGAAC CCACAGGACT 420
TCATTGGCTG CCTGAACGTG AAGGCGACTT TTTATGATAC ATACTCCCTT TCCTATGATC 480
TGCATGCTG TGGGGCCAAG CGCATCATGA AGGAAGCTTT CCGCTGGGCC CTCTTCAGCA 540
TGCAGGCCAC AGGCCACGTA CTGCTTGGA CCTCCTGTTA CCTGCAGCAG CTCCTCGATG 600
CTACGGAGGA AGGGCAGCCC CCAAGGGCA AGGCCTCATC CCTTATCCCG ACCTGTCTGA 660
AGATACTGCA GTGAAAGCCC AAGTCCTTGG AAGCTTTCCC CAGTGAAGGA CTGACTGGGG 720
GCCTCACGCT TAACTGGTAG TGCCACAAG CCTGGCAGCT GTAGAGCCGC GAACCTCCCC 780
ACACCTCCCT CACCGCGCAG GACCCTGAGT GAGGAGGAGG AGCTGGAAAC CTGGGGTGGG 840
TTGGCCAAAG GAGAACCCTCA AGCTCCTGGC CTGATCCAGC TCCTTCCTGC CCAAGGCAGC 900
TTAGCCCATC CAGACTGGTC CTGAAGTCTG TCCCTCCATT GGCATGAAGT CTGCCCTTA 960
GCAATCCGGC CTCGCAAGCT GTACTTTCAT GGTGCTCTCT ACCTTCTGGC CCCCATCCCG1020
GAACATTCCT GAGTGAATTC GCAAGCGCAC TAGCATGTGA TATTAGGGAG TTTGCAATAA1080

```


ATTATTGAGG CTGATGTAAA AAAAAAA

1107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1062 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```

GTGAATATGT GTGTATATGT GTGTGTATGT GTGTGTGGGG TTTGGGGTAG AAGGGAGGGA 60
GGGGGCAGGA CAGTGTGGAA TCTCTAGGGT GTATGGGTAG GTAGGGGGCA CAGTTAGTTC 120
TAAGTGGGCT TTTATGCTAA AAGCCTCTGG GGATATCTGT TTTGAAAATA AAGATAGGTG 180
TCCCTCCTT GCTGTCATCT AGCCAGACA CTCTGCTTGC TCTCTGGCTG TCTGCTCCCT 240
GGGAAGGCTT TAGGAGGACC ACCCAGGACA GGATGACCAT GCTGCCATCT GCTCTGGAGC 300
TGGGTCTCAG TGCAGAGGGA CAGTGAAGT GGATGGTTGC AGTCTCTGGT GGGAGGTGAG 360
GATAGAAGTG ATAAAGAGCT AAGAGGAGCT TCTGGGAGCC TTGGAGGAGG TCAGTCTTGC 420
AGTGGTGAAG CCAGGACATA GGAGATGGAG CAGGGCTGTG AGAGGAGGAG ATTCTGAGGA 480
GGATGCAGGG GAAATCTTGT CTGTTAATGA AATAGGGGTG GGGTGGGGTT TGGGGTGGGG 540
TGGTCATTGC CGTTTGAGCT GCTGATTTTC ATGAGTCGCC TTCAAACTC TCGTGTAGGG 600
TTGACAATGT GGGGGGGTGG GGGATCCAGC TTATTCTTTT ATTTTCAAGT CCATTCTTGG 660
GGCTGGTGGG GAGGCAGGAG AATACCCCTC CCTAAGCCCT TAGTGTGTGC CGAGCTTGCT 720
TTGTGATGTT GGCAGGGGAG GGGAGACCTG GGTGGTGAAG GAGTTCCTT TATCAAACCC 780
TTCAATGGGC ACAAATTGA GTGCTTGATT TTAGGTTTTA TTTTTTTATG AATGTCCAAA 840
TCTGTGTTTC CCCCTGCCCT CCCAGACTGT GTGGCCAGTT GAAAGTGTCT GGTGTGTGTT 900
CATCTCTCCC TCATTCTTGG AGCAGGGCCT GAGACCCTGC CACATCTCCT ATGCTCTGCA 960
TCCACGCCCTC TTTTGGACAT TAAAGGTTGA TTGATGCAAA AAAAAAATAC AACGGGGTGG 1020
CTTGGGGAAG CCTGGGGTTG GCCGGCTTAT GGGGTTGCGG CG 1062

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2770 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
CTACTATGGA TAATTTCAAA GTAGAATCAC TCTATGCTTA GAGTTTTGGC ACCAATGCTG 60
TAGGGCAGCA GAATCTATTC TCAGTAAAT AACTTATGGT TTATTAGATA TTCTGTATTG 120
GATTTTACCA GCTTGACTTT TACTGCTCAG ATGCTTTCTT TCCCCCCTT AGACGCTGTA 180
ATTCTCTTGG GAAGAGTAAC TATTCCTAAG GTTTTTACAG ATACCCACCT TAGTTGTAAA 240
TTGGATAGTT TATATTTCTG GGACTTTTTT AATGAAAATG TGGAATGTTA AGTTACAAAA 300
GACTTTTCAT CAGAAAATTT CAAACAAAGT AAACATGGCG TTTTATAGTC CTCTAAAATC 360
TAGGTGCTCC CACCCACCAA AGGCATATCC TGCAAAGGGC TGTGAACAT CTTGGTGAAC 420
TGTCTTGGGT CCCCTTTCCA TGTATGTTTT CTTGTCACCTG AAAACAAACA ACGCTGAGTT 480
TATCAAGAAA ATTTAAATTG GGGGATCATA ATAATTCCAA CCAAGTGACA ACTCTGACAT 540
CAAGGTTATT AGGAGCTGTA CATCCAATTC AAGTTTTATT TGCTGCTATT CTGGGAGAAT 600
AAACTTGAT ATGGAGAATA AACTAATAAA CTTGTATCGA GGAAATCCAT AAAGTTATAA 660
ATTAGCCTGA AAAATATTTT AGGTAATGGT GTGGATTGGC CTGCTTTGAC TCTCAGCCAC 720
CAACAGAAAT CTTTGTCACT TTTGTTCTCT AGCTAAAAGT AATTTTGTTA TAAACACAAA 780
GTGACTTTAA ACAGGTAAAA AACCCATTCC TATTTTGTGA CATTACCAA AGTTTTTCAT 840
ATACCTACAG AGCTAACTAA TTACAACCTGA TTTAATCCAC TCAAGTTTAG ACCAGTTAAA 900
CCCATAGGAT CCTGTATGGT TATCAATGTG ATGCCTTGCT TTTCATAAAA TAGGTATAAT 960
TGGGTCATAC ACTTGACGAG AGGGTGACTG TTTCTAGGGG AAGAAAACCC TTTAGATTGC 1020
AGGTAACCTT CACTTTTTTT TTTTAAATA TACACTTTAC ATTTGTATAA ATTATGCAGG 1080
GTACTCCTAA CCCTGTAGAA ATGTATGACC TCTCACAAAG TTGAGATTG ATCCAAAGAG 1140
AAATGCAAGT ATAAAAGAAT TAGATACCTT ATTATCTTTT AAGGTTTTTT TTTTTTTTTG 1200
GTAGAGATGG GGGTCTCACT GTGTTGCCCA GGCTGGTCTC AAACCTCTGG CCACAAGTGA 1260
TCTTCCTGCC TCAGCCTCCC AAAATGCTGA GATTACAGGC ATGAGCCACT GTACCCAGCC 1320
TTTCCTTATA AAATTCAAAG AGAAAATTTT TACACCTTTA TCCCTCAAAT AAAACAAGTG 1380
CTCAGTTCTT ACCGTGCCCT TGCAAGGTCT ATATGTAAAA GAAATCTGAA ATTTAGCTGT 1440
AGAATAAAAC TTGATAAATA AAAAGAAAAA ACATACATTT CTCCAGTTGG TTTGCTCTTT 1500
GCTTGTTGAA GTAATAAACC GTTTTAAAGA GAAATACTT GCTGTAAACC CCCAGTGCCT 1560
TCAACTCTTT TGGCAGAATA TTTTAAAGA AATCCAGCAA GCAAACCTTG AGGTGCTAAT 1620
GAAAGTAAAG GAAGGTGGTA TTTCTAGTTT TGGCAGAAAT GAAAAGTGTC TCACAAGAGA 1680
CATCACTACC CACGTGGGGT CTGGCTGCTT TCTACCAAAG ACATTTAGAG AAGAAGTGAA 1740
TTGAGTCAGG GTGATGGTGA AACTACATA TTTTATAGAT GGTTAAGTTG AGAATTAATT 1800
```

```

ATGTTTATCA TGGATGGCTA CTAATACCAA GCTCATGATT GTTGCAGCCT CAACGTCTTA1860
GGCAGTAAAA CTTGTCTGCA GCACTAAAGG GGGAGAAACC CTTATATTTT GCAAAGTGTCT1920
CATTCGTTAA ATTTATTGTA ACCTAATACC AAAAAGTACC GTTTTTCATA TTATTTCCCC1980
ACCTCCTACT TTTTGTGTTT TTTTGTGCTA CTTGTAAAAT AACCCCTTCT AGAAAATAAG2040
CATTAACTGG AATGTTTCAA ACAATTTTGC TTCATTTTAC TATCAGCCAC TAGTGAAGTC2100
TTACAGAGAT GTACATTTAA GATAAAATTA GCTTGTGCTA AGTGTTTTAA AAACATTGTT2160
TACTGTTAAA GGGGAATTGC ACATTATATT TAACTGGGAT TGCTCCCTCC CTCAGTTCTT2220
TAAAAACAA GAGTCAAGGC TCACACCAAC TTGTAGGCTG TGGGAGCTTT GCCATAGGTA2280
GATACAATGT AGAAGTATAC TTTTTTAAAG CATGAAGAAG ACAAGGAAGT TCATTATAAT2340
GTACCAGGTA GAGGACATTA TTATTCAAAG GATTATGCAC AGCTCAGTGA AGATGAAGTT2400
ACAATTTTTC TCGCAGCTTT GTTGCTATTA TTTTCTTCTG CATAAATGTA TGCTCATTTT2460
ATTATGTGCC TTGCTCCCTG ATTGTGCAAA GCTATATATA TATATATATA TATAGATAGA2520
TAGATAGATA GATATATGAG AGAGATATAT TCAGTACTAC TGAGGATGTT TTTCTGAGGA2580
TGTTTTTGTG CTGCTGGATT AAGTTATTTT CCAAGTTACT CTTGCCAGTT ATGTCAGTAA2640
ACTATTGTAA TGGCTTAGCA CACTAGTCGT ACAGTCAGTG TAAATGTTTT TCATTTACAT2700
GTTTTCATTA TATCAGCTTA TCAAATCCTT AATAAAAAAA ATTCATAGAT TTCATTTAAA2760
CAAAAAAAA
2770

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4242 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```

GGCCATTGAC CCTAGAGGTG AAACCGAAGC TCTGATGGAC TCTCACAGCT GGAGATGAAA 60
ATACGAGTTA TACACGGAGA ATGCAACCAC TGAGAAAACG GAACCGAATA GTCAAGAGGA 120
CAAGAATGAT GGTGGAAAT CAAGAAAAGG GAATATAGAA CTTGCCTCAT CAGAACCACA 180
GCATTTTACA ACAACTGTGA CTCGATGCAG CCCGACCGTG GCCTTTGTGG AATTTCCCTC 240
CAGCCCCCAG CTGAAGAATG ATGTGTCGGA AGAAAAAGAC CAGAAGAAAC CAGAAAATGA 300
AATGAGTGGA AAGGTGGAGT TGGTGCTGTC ACAAAGGTG GTAAAGCCAA AATCTCCAGA 360
ACCCGAAGCA ACGCTGACAT TTCCATTTCT GGACAAAATG CCTGAAGCCA ACCAACTACA 420
TTTGCCAAAT CTCAATTCTC AAGTGGATTC TCCAAGCAGT GAGAAGTCAC CTGTTATGAC 480
ACCTTTTAAAG TTCTGGGCAT GGGACCCAGA AGAGGAGCGC AGGCGACAGG AAAAATGGCA 540

```

```

ACAGGAACAG GAACGTTTGC TCCAGGAGAG ATACCAGAAG GAGCAGGACA AGCTGAAAGA 600
AGAGTGGGAA AAGGCCCAAA AGGAGGTGGA AGAGGAAGAA CGCAGATACT ATGAGGAGGA 660
GCGTAAGATA ATTGAAGACA CTGTGGTTCC ATTTACTGTT TCTTCAAGTT CCGCTGACCA 720
GCTGTCTACC TCTTCCTCCA TGACTGAAGG CAGTGGGACA ATGAATAAGA TAGACCTGGG 780
AAACTGTCAA GATGAAAAAC AAGACAGAAG ATGGAAGAAA TCATTCCAGG GAGATGACAG 840
TGACTTATTG CTGAAGACTA GGGAAAGTGA TCGACTGGAG GAGAAGGGCA GCCTAACTGA 900
AGGGGCCTTG GCTCATTCTG GGAACCTGT ATCAAAGGA GTCCATGAAG ACCATCAGCT 960
GGATACCGAG GCTGGGGCCC CACACTGTGG AACAAACCCA CAGCTTGCTC AGGATCCATC1020
CCAGAATCAG CAGACATCAA ATCCAACGCA CAGTTCAGAA GATGTGAAGC CAAAAACCCT1080
CCCGCTGGAT AAAAGCATT AACCATCAGAT CGAGTCTCCC AGTGAAAGGC GGAAGTCTAT1140
AAGTGGAAAG AAGCTGTGCT CTTCTGTGG GCTTCCTTTG GTTAAAGGAG CTGCAATGAT1200
CATCGAGACC CTCAATCTCT ATTTTCACAT CCAGTGTTC AGGTGTGGAA TTTGTAAAGG1260
CCAGCTTGGA GATGCAGTGA GTGGGACGGA TGTTAGGATT CGAAATGGTC TCCTGAACTG1320
TAATGATTGC TACATGCGAT CCAGAAGTGC CGGGCAGCCT ACAACATTGT GACACGGCTT1380
TCAAGCTTCC GGATCACTCA CCATTTCTTT ACTGAGAGTG TCCCCTGGCA ACTGCTTAAC1440
AAAATCCCAA GCTCAGGGGC TTCTCAGCAT TTACCTAATT TCTGAAAGGC TCTTCTGAAA1500
GGTGGTATCT GTTCTTTCGT AGCACAGTGT TTATGTTTTT CCTGTTTATT GTTTTGGGTT1560
TTTGTTTTTT TTTTTCATT TGCACAGTAT ACACAAAAGA ATATGGGGTT GTAATGATCC1620
TGAATAGCTC AAAAAAGGTT TTAGCATGGT CAAACAGGCT TATGGTTTAA AATGTGTTAT1680
TCTCTTCTTT GGAATTAGC TAAATGATGC AATAAACCTG TTTTGTTTTA GAATGTCTAG1740
GAATTAAACA CTTTATGTTT ACAGAATTGA GCTGCAGAAA GTGCAAGACA TGCCAATTTG1800
AGACACACGG TCTCTAAGA CTGAAGGATA AATTTAATGC ATTTCAGAAA CTAAACATCA1860
CAGCAAGCTC TATCTCTGAG CTATAATTTG TTTTAAATGC AAAGACACTA GTTTGATAAT1920
ATATACTGTA ATCCTGAAAC ATTTGTGTTA CTTACCTTTG GAGGTAGAAA TTATACCAAT1980
AAATTATTGC ACCGTTAGTA TTAGATTCTG TGTACCTTGG AAGTTATGTC ATTAATATAG2040
GCTGGTTTCA CAAATAAAGC AAAACCTTGC AATATCAGCT AGATTTACAC TCCGGGACGT2100
TGCCCAAAGC TAGGAAGAAA GCAGAGGGAA ATATTTCACT CATCATTTCC AAAGTCATTA2160
TCAAAATCTG TGAGGAAGTT TAATCTTCCA AAGAGTCAAT GTCAGACATC AGGCCTCTGT2220
TGCCTGCTTC TCTCGAGGCA CTAGATTAGG AGTCTTCAAT AAGAGACTTA ACATGAGGTA2280
TATGGAAGAT GAGGCACCGA GATAAGTTCA TCATTAGGTG TGAGCACTGC TCACCCCTGC2340
TGGCAAGTTC TCCTTAAGGG CCTGAAGCAC AGGTGTCCAA AGAAAAGCGT TAAGTCCATC2400
TTAATAGAAT CTATGTGGTA TATGATGTGG TCAGCCCCTG GTCTGTGATC AGCAAGAACC2460
TACAGCACAG ATTATGCCCT GCCCACTTCA ATGAATACCT ACTCTCCTCC ATTCTCCATC2520
ACTTTTTTTT CTATCAAGAA CTCCGGACCT TGCCCATGGA GAAGTTTAGA GAGGAACCTC2580
TGTGGAGAGC TGGTTTATTT TCTGCCCTGT GCGACGAGTT TCAGCTGGCC AAGAAAGGAG2640
TCAAGTTATT AAAAAGCATC ACAATGTAGA TCTCCAGGCT GGTTTTTTGT TTTTGTGTGT2700
TAAGACTGGG GAAAGGGGGA CTATTTATTC TGCCTTAAAT CAATGGCAAA TAAGTCAAGA2760
TGACATTTTG TGAATGTAGA CTATGGATAC ACTCCTAATA GATTGATGTA GTCATAAAAG2820
GGGGTCAAGT AGATGTTTTT CTGTTATGTA AGCAATAATT TTTCCGTGTC TTATTGAGTA2880
TGGCTAGCGA TTATTTATTA CATGCTAGAT GGGTCTTTT CATGTGGGTT CCATATAGGT2940
GCAGAAATTT CCTCAGCCAC TGGAGGGATT TCGACCATAT TTGTCATTTG GATGAGCTGT3000
TATTAGATTG AAATCTACAC ATCATTTTCAT TAAAAATTGT GCCTTAGAAA ACGCAAAGCT3060
GTTGCACATG GCGATAAATT ATGGATGCAG TACATTGAAG AGAGATGAAG TCACTTCCAA3120
GTTTCCAAGA CTTCTCATGG AGGTGTTTGC TGTTTTACAG GAAAAATAA AAATAAAAAA3180
AGAAAAAAA GAGAAAAAAT TAAATTCAAA AATTGTTTTG AAAATGTACA GATCAAGTCC3240
AATATTTTGA TTATCCACCT GCATGTTTTA TTAAATATTT TGATAATGTG GATGTTTACA3300
CTTTGCATGA TATTAGCAGA GTACCACTAG TAATGCACAA ACATGTACAA TATGGTCATT3360
CATAACCGAT TTTTATAGAA TACTTTTTAC ATGTGCAACT CCATCCGTTA TGTAAGGATT3420
ACATGAATAT TGCACATTCC CTTCTGGTTT CACAAACCCA TTTATACATA TTTCTTAGTG3480
AGGCTCATTG TACATGTATT GAAGCTAGAA TCGAGTCAAG AAAAATAAAG CCCCATTTCT3540
CAACTGCAAA ATGTGCTTTC CCATAATGAA CACTAGTCAC CAGCACAGAA TAATCTCCAA3600
CATTTTCTAA ATTCTAATTG CCAACTGTTT CTATTTATAT TTGATTTATA TTTTCTTTGG3660
AGTCTGTTAC ATGGCAGCTT AGGCAGACTA GATCTGTTT TTTCCAATGC AGCATAATGA3720
GTATGATCTA TTTCTTTTCA AATAATCTTT GAGATCCCAG GAAAAAAAAT ATGCTCTGCT3780
CCATTGAGCT ATAATGTAAA TGTGTTTGT TAAAAACAG GTGAGGCAAG TGAGTGATTT3840
ATTGTTCTTG AGGAAGTATA TCTGATTTTT TTTCTCATAC TCCAAAAGCT AGTCCCTACT3900
CTTTAATAAA AATAATGGGT AACTTTTTGT TTTTCACTAG CGAACTTCCA TGACATTTCC3960

```

```

TTTCTATGTA GTGTGATTAA TGCAATACAT ATTATAGTTA TCTATACACA GTGTAAGATT4020
TAACAAACTG AAATGATCCA CCTCATATGT GAGTCCGTCC AAAAGATGTT ACTGCTCTGG4080
GTGGGCCAGT GTTCTATATC GGTTATACTA ACTTTCATTT AAAGTATTTA TTCTAAAATG4140
CCTCTGAGAA ACAGTAAAAA ATAAAAACAA CAAGTTGTCT AAAATGCAAC AGCTTTTATA4200
GTAAATGTAC ATTTATAAAT AAAATACTCA AATCAAAAAA AA 4242

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```

CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120
CCTGGAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180
GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTT 240
AAACTTGTC GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTCAC 420
CCCCGCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAACT AAAGCACCAG CATTTGAAGA AAAAGGCCTT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
ACCAGATCCA GGTTCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTAAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT1020
TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC1200
CGATGGCCTG GCACCAGTTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC1260

```

```

TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCCTACAAC1320
CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAACCTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAAAC1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATAACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA1440
GGAAAGGGGA AACAACTTCA ATCACATCAG TCCCATTCGG CCAGTGCCTC ATCCCCGATC1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCCGCAA AAAAGGCTAA TGACTCCTTG1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAGA TGCACCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC1620
CAGAGAGACA ATATTTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA1920
GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCTCA1980
TGAAACACA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTTGCAA2220
ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCCAAAAAGC2340
TGGGGAAAAC AAATGTGTAA CTTTTCCAGT TACTTGACAC GATTTCAGTGG GGGAAAACCA2400
GCATTTTTTTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAACCTG CATTGTAATT TTGATGATAC2520
AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA2580
AATAAATATG TCATCCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA2640

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1558 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```

GCGAGGAGCT GGCACGCAGC CAGGGCCTTT GCTCAAGAAG CCATACCAGC CAAGAATTAA 60
AATCTCTAAA ACATCAGTGG ATGGTGATCC CCACTTTGTT GTGGATTTC CCCTGAGCAG 120
ACTCACCGTG TGCTTCAACA TTGATGGGCA GCCCGGGGAC ATCCTCAGGC TGGTCTCTGA 180

```

```

TCACAGGGAC TCTGGTGTCA CAGTGAACGG AGAGTTAATT GGGGCACCCG CCCCTCCAAA 240
TGGCCACAAG AAACAGCGCA CTTACTTGCG CACTATCACC ATCCTCATCA ACAAGCCAGA 300
GAGATCTTAT CTCGAGATCA CACCGAGCAG AGTCATCTTG GATGGTGGGG ACAGACTGGT 360
GCTCCCTGTC AACCAGAGTG TGGTGGTGGG GAGCTGGGGG CTGGAGGTGT CCGTGTCTGC 420
CAACGCCAAT GTCACCGTCA CCATCCAGGG CTCCATAGCC TTTGTTCATCC TCATCCACCT 480
CTACAAAAAG CCGGCGCCCT TCCAGCGACA CCACCTGGGT TTCTACATTG CCAACAGCGA 540
GGGCCTTTCC AGCAACTGCC ACGGACTGCT GGGTCAGTTC CTGAATCAGG ATGCCAGACT 600
CACAGAAGAC CCTGCAGGGC CCAGCCAGAA CCTCACTCAC CCTCTGCTCC TTCAGGTGGG 660
AGAGGGGCTT GAGGCCGTCC TAACAGTGAA AGGCCACCAA GTCCCAGTGG TCTGGAAGCA 720
AAGGAAGATT TACAACGGGG AAGAGCAGAT AGACTGCTGG TTTGCCAGGA ACAATGCCGC 780
CAAACGTGATT GACGGGGAGT ACAAGGATTA CTGGCATCC CATCCATTTG ACACAGGGAT 840
GACACTTGGC CAGGGAATGT CCAGGGAGCT CTGAAGCTGG CAGCCTTAAA GATGCAAGTG 900
CATGAAGGAC AGTGATGTGG GGAGGCCGTG GGGCAGCTCT TTTTCATGGT TGTACACGCC 960
TCAGCTCCTG GCAATTAGCT GGACTCCATG ACCCACCCCT GGTGCAGCAT AGATCCGACG1020
TCTGTCTGGG CGAAGGGTAG GGGTGGGTAG GGGCGGGAAG CCTGAGTGCA AATGTCATTT1080
CCCTCTACTG CCTCTTCCTG CCTCTCCCCA CCCTGCCCCAC ATCCACAGAG GGGAGAGAAG1140
GGTCATAGCT AAATGCAACA AAGTCTGTAT CTTGTCCCAA CCTGCTTTTC TGTTCGTTA1200
GCATATCATA AAGTAAGCCT TTCTGGTGAA GGAAGGTTGC TATGAAACTT TTTTCTTGG1260
TGGAATGGC CAAGTTTAGG CACTCTGCTT TTTGCCTTAC ACTAATGCTT AGAAAGCTGT1320
CTTTTCAGTG GTGTTGCAGC CCCCAGATGT GTGGCCAACC TCTGCTGCAA AGGAATCTCT1380
TGCTGAGTCC AGGCCACCAA TCAGGCAAAT AGCCCATACA TTTGATCGTT GTAAACCATG1440
AAGTCTTTTC TTGCAAGACG TTTTCTTCT GCTGTGGTAT CTTGCCCTTA AAAATTAGTT1500
TTCATTAATA AGAAATTTGA TTGAAAATAA AAAACCGGAA TGGAAAAAA ATTGTTTT 1558

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1388 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

```

CGGGGTTTAC TGTGTTGGCC AGGCTGGTCT CGAACTCCTG ACCTCATGAT CTGCCCCGCT 60
CAGCCTCCCA AAGTGCTGGG ATTACAAGTG TGAGCCACCA CACCTGGCCT GGAAGGAACC 120
TCTTAAAATC AGTTTACGTC TTGTATTTTG TTCTGTGATG GAGGACACTG GAGAGAGTTG 180

```

```

CTATTCCAGT CAATCATGTC GAGTCACTGG ACTCTGAAAA TCCTATTGGT TCCTTTATTT 240
TATTTGAGTT TAGAGTTCCC TTCTGGGTTT GTATTATGTC TGGCAAATGA CCTGGGTTAT 300
CACTTTTCCT CCAGGGTTAG ATCATAGATC TTGGAAACTC CTTAGAGAGC ATTTTGCTCC 360
TACCAAGGAT CAGATACTGG AGCCCCACAT AATAGATTTC ATTTCACTCT AGCCTACATA 420
GAGCTTTCTG TTGCTGTCTC TTGCCATGCA CTTGTGCGGT GATTACACAC TTGACAGTAC 480
CAGGAGACAA ATGACTTACA GATCCCCCGA CATGCCTCTT CCCCTTGGCA AGCTCAGTTG 540
CCCTGATAGT AGCACGTTTC TGTTTCTGAT GTACCTTTTT TCTCTTCTTC TTTGCATCAG 600
CCAATTCCCA GAATTTCCCC AGGCAATTTG TAGAGGACCT TTTTGGGGTC CTATATGAGC 660
CATGTCCTCA AAGCTTTTAA ACCTCCTTGC TCTCCTACAA TATTCAGTAC ATGACCACTG 720
TCATCCTAGA AGGCTTCTGA AAAGAGGGGC AAGAGCCACT CTGCGCCACA AAGGTTGGGT 780
CCATCTTCTC TCCGAGGTTG TGAAAGTTTT CAAATTGTAC TAATAGGCTG GGGCCCTGAC 840
TTGGCTGTGG GCTTTGGGAG GGGTAAGCTG CTTTCTAGAT CTCTCCAGT GAGGCATGGA 900
GGTGTCTCTG AATTTTGTCT ACCTCACAGG GATGTTGTGA GGCTTGAAAA GGTCAAAAAA 960
TGATGGCCCC TTGAGCTCTT TGTAAGAAAG GTAGATGAAA TATCGGATGT AATCTGAAAA1020
AAAGATAAAA TGTGACTTCC CCTGCTCTGT GCAGCAGTCG GGCTGGATGC TCTGTGGCCT1080
TTCTTGGGTC CTCATGCCAC CCCACAGCTC CAGGAACCTT GAAGCCAATC TGGGGGACTT1140
TCAGATGTTT GACAAAGAGG TACCAGGCAA ACTTCCTGCT ACACATGCCC TGAATGAATT1200
GCTAAATTTT AAAGGAAATG GACCCTGCTT TTAAGGATGT ACAAAGTAT GTCTGCATCG1260
ATGTCTGTAC TGTAATTTTC TAATTTATCA CTGTACAAAG AAAACCCCTT GCTATTTAAT1320
TTTGTATTAA AGGAAAATAA AGTTTTGTTT GTTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1380
AAAAAAA

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

```

GTCCCTGGCG CCCTGCCTTT AGCCGTGGGG CCCCCACCTC CACCCTCTGG GTTTCCTAGG 60
AATGTCCAGC CTCGAGACC TTCACAAAGC CTTGGGAGGG TGATGAGTGC TGGTCCTGAC 120

```



```

AAGAGGCCGC TGGGGACACT GTGCTGTTTT GTTTCGTTTC TGTGATCTCC CGGCACGTTT 180
GGAGCTGGGA AGACCACACT GGTGGCAGAA TCCTAAAATT AAAGGAGGCA GGCTCCTAGT 240
TGCTGAAAGT TAAGGAATGT GTAAAACCTC CACGTGACTG TTTGGTGCAT CTTGACCTGG 300
GAAGACGCCT CATGGGAACG AACTTGGACA GGTGTTGGGT TGAGGCCTCT TCTGCAGGAA 360
GTCCCTGAGC TGAGACGCAA GTTGGCTGGG TGGTCCACAC CCTGGCTCTC CTGCAGGTCC 420
ACACACCTTC CAGGCCTGTG GCCTGCCTCC AAAGATGTGC AAGGGCAGGC TGGCTGCACG 480
GGGAGAGGGA AGTATTTTGC CGAAATATGA GAACTGGGGC CTCCTGCTCC CAGGGAGCTC 540
CAGGGCCCCCT CTCTCCTCCC ACCTGGACTT GGGGGGAACT GAGAAACACT TTCCTGGAGC 600
TGCTGGCTTT TGCATTTTTT TGATGGCAGA AGTGTGACCT GAGAGTCCCA CCTTCTCTTC 660
AGGAACGTAG ATGTCGGGGT GTCTTGCCCT GGGGGGCTTG GAACCTCTGA AGGTGGGGAG 720
CGGAACACCT GGCATCCTTC CCCAGCACTT GCATTACCGT CCCTGCTCTT CCCAGGTGGG 780
GACAGTGGCC CAAGCAAGGC CTCACTCGCA GCCACTTCTT CAAGAGCTGC CTGCACACTG 840
TCTTGGAGCA TCTGCCTTGT GCCTGGCACT CTGCCGGTGC CTTGGGAAGG TCGGAAGAGT 900
GGACTTTGTC CTGGCCTTCC CTTTCATGGCG TCTATGACAC TTTTGTGGTG ATGGAAGACA 960
TGGGACCTGT CGTCTCAGCC TGTTGGTTTC TCCTCATTGC CTCAAACCCT GGGGTAGGTG1020
GGACGGGGGG TCTCGTGCCC AGATGAAACC ATTTGGAAC TCGGCAGCAG AGTTTGTCCA1080
AATGACCCTT TTCAGGATGT CTCAAAGCTT GTGCCAAAGG TCACTTTTCT TTCCTGCCTT1140
CTGCTGTGAG CCCTGAGATC CTCCTCCCAG CTCAAGGGAC AGGTCCTGGG TGAGGGTGGG1200
AGATTTAGAC ACCTGAAACT GGGCGTGGAG AGAAGAGCCG TTGCTGTTTG TTTTGTGGGA1260
AGAGCTTTTA AAGAATGCAT GTTTTTTTCC TGTTTGAAT TGAGTAGGAA CTGAGGCTGT1320
GCTTCAGGTA TGGTACAATC AAGTGGGGGA TTTTCATGCT GAACCATTC AAGCCCTCCCC1380
GCCCCGTTGCA CCCACTTTGG CTGGCGTCTG CTGGAGAGGA TGTCTCTGTC CGCATTCCCG1440
TGCAGCTCCA GGCTCGCGCA GTTTTCTCTC TCTCCCTGGA TGTGAGTCT CATCAGAATA1500
TGTGGGTAGG GGTGGACGT GCACGGGTGC ATGATTGTGC TTAAGTGGT TGTATTTTTC1560
GATTTGACAT GGAAGGCCTG TTGCTTTGCT CTTGAGAATA GTTCTCTGTC TCCCCCTCGC1620
AGGCCTCATT CTTTGAACAT CAACTCTGAA GTTTGATACA GATAGGGGCT TGATAGCTGT1680
GGTCCCTCT CCCCTCTGAC TACCTAAAAT CAATACCTAA ATACAGAAGC CTTGGTCTAA1740
CACGGGACTT TTAGTTTGCG AAGGGCCTAG ATAGGGAGAG AGGTAACATG AATCTGGACA1800
GGGAGGGAGA TACTATAGAA AGGAGAACAC TGCCTACTTT GCAAGCCAGT GACCTGCCTT1860
TTGAGGGGAC ATTGGACGGG GGCCGGGGG GGGGGTTGGG TTTGAGCTAC AGTCATGAAC1920
TTTTGGCGTC TACTGATTCC TCCAACCTC CACCCACAA AATAACGGG ACCAATATTT1980
TTAACTTTGC CTATTTGTTT TTGGGTGAGT TTCCCCCTC CTTATTCTGT CCTGAGACCA2040
CGGGCAAAGC TCTTCATTTT GAGAGAGAAG AAAAAGTGT TGGAACCACA CCAATGATAT2100
TTTCTTTGT AATACTTGAA ATTTATTTT TTATTATTT GATAGCAGAT GTGCTATTTA2160
TTTATTTAAT ATGTATAAGG AGCCTAAACA ATAGAAAGCT GTAGAGATTG GGTTCATTG2220
TTAATTGGTT TGGGAGCCTC CTATGTGTA CTTATGACTT CTCTGTGTT TGTGTATTTG2280
TCTGAATTAA TGACCTGGGA TATAAAGCTA TGCTAGCTTT CAAACAGGAG ATGCCCTTCA2340
GAAATTTGTA TATTTTGCAG TTGCCAGACC AATAAAATAC CTGGTTGAAA TACAAAAAAA2400
AAAAAAAAA CTCGAG

```

2416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

```
GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGTCTT TTGTATTTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
AGGGGCAGAG GCCCCACTGG CCACCCCCTG CTTCCTCAGAG TGAAACCTTG TGCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCTTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
GGCCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCGGGAGGA CCCATTCATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GGCGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTCACG GCGGGCTGTG 780
CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTTACTAA TTATTATTTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTCAAGTC1080
CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCCAATGA GCTCCACGTG GCTTTTTCCT AAAGGGGAGA1200
AGAGGGAAGG ATTGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260
AAGTGAGCGG TTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CCTTTGACCC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGGTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
GGTTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CCTGTCTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCACTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCTCCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAATC CTGAGACTCG CGTTTCCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTTCTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAGTGG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTTCATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTTTG2340
TGCGTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TTCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
```

TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580
 GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640
 CCCACTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700
 AAGTTAAAGA AAACCTCAAAA 2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2987 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

CTCAATGCAG AGGATTTAAT CTAAAAGCAT ACAGAAATGC AGCTGAAATT GTGCAGTATG 60
 GAGTAAAAAA TAACACCACT TTTCTGGAGT GTGCCCCCAA GTCTCCGCAG GCATCTATCA 120
 AGTGGCTGTT ACAGAAAGAC AAAGACAGGA GGAAAGAGGT TAAGCTGAAT GAACGAATAA 180
 TAGCCACTTC ACAGGGACTC CTGATCCGCT CTGTTCCAGG TTCTGACCAA GGACTTTATC 240
 ACTGCATTGC TACAGAAAAT AGTTTCAAGC AGACCATAGC CAAGATCAAC TTCAAAGTTT 300
 TAGATTCAGA AATGGTGGCT GTTGTGACGG ACAAATGGTC CCCGTGGACC TGGGCCAGCT 360
 CTGTGAGGGC TTTACCCTTC CACCCGAAGG ACATCATGGG GGCATTCAGC CACTCAGAAA 420
 TGCAGATGAT TAACCAATAC TGCAAAGACA CTCGGCAGCA ACATCAGCAG GGAGATGAAT 480
 CACAGAAAAT GAGAGGGGAC TATGGCAAGT TAAAGGCCCT CATCAATAGT CGGAAAAGTA 540
 GAAACAGGAG GAATCAGTTG CCAGAGTCAT AATATTTTCT TATGTGGGTC TTATGCTTCC 600
 ATTAACAAAT GCTCTGTCTT CAATGATCAA ATTTTGAGCA AAGAACTTG TGCTTTACCA 660
 AGGGGAATTA CTGAAAAAGG TGATTACTCC TGAAGTGAGT TTTACACGAA CTGAAATGAG 720
 CATGCATTTT CTTGTATGAT AGTGACTAGC ACTAGACATG TCATGGTCCT CATGGTGCAT 780
 ATAAATATAT TTAACCTAAC CCAGATTTTA TTTATATCTT TATTACCTT TTCTTCAAAA 840
 TCGATATGGT GGCTGCAAAA CTAGAATTGT TGCATCCCTC AATTGAATGA GGGCCATATC 900
 CCTGTGGTAT TCCTTTCCTG CTTTGGGGCT TTAGAATTCT AATTGTCAGT GATTTTGTAT 960
 ATGAAAACAA GTTCCAAATC CACAGCTTTT ACGTAGTAAA AGTCATAAAT GCATATGACA1020
 GAATGGCTAT CAAAAGAAAT AGAAAAGGAA GACGGCATT TAAAGTTGTAT AAAAACACGA1080
 GTTATTGATA AAGAGAAAAT GATGAGTTTT TATGGTTCCA ATGAAATATG TTGGGGTTTT1140
 TTTAAGATTG TAAAAATAAT CAGTTACTGG TATCTGTCAC TGACCTTTGT TTCCTTATTC1200

```

AGGAAGATAA AAATCAGTAA CCTACCCCAT GAAGATATTT GGTGGGAGTT ATATCAGTGA1260
AGCAGTTTGG TTTATATTCT TATGTTATCA CCTTCCAAAC AAAAGCACTT ACTTTTTTTTG1320
GAAGTTATTT AATTTATTTT AGACTCAAAG AATATAATCT TGCCTACTC AGTTATTACT1380
GTTTGTCTCT TTATTCCCTA GTCTGTGTGG CAAATTAAAC AATATAAGAA GGAAAAATTT1440
GAAGTATTAG ACTTCTAAAT AAGGGGTGAA ATCATCAGAA AGAAAAATCA AAGTAGAAAC1500
TACTAATTTT TTAAGAGGAA TTTATAACAA ATATGGCTAG TTTTCAACTT CAGTACTCAA1560
ATTCAATGAT TCTTCCTTTT ATTAAACCA GTCTCAGATA TCATACTGAT TTTTAAGTCA1620
ACACTATATA TTTTATGATC TTTTCAGTGT GATGGCAAGG TGCTTGTAT GTCTAGAAAG1680
TAAGAAAACA ATATGAGGAG ACATTCTGTC TTTCAAAGG TAATGGTACA TACGTTCACT1740
GGTCTCTAAG TGTAAGAGTA GTAAATTTTG TGATGAATAA AATAATTATC TCCTAATTGT1800
ATGTTAGAAT AATTTTATTA GAATAATTTT ATACTGAAAT TATTTTCTCC AAATAAAAAT1860
TAGATGGAAA AATGTGAAAA AAATTATTCA TGCTCTCATA TATATTTTAA AACACTACT1920
TTTGCTTTTT TATTTACCTT TTAAGACATT TTCATGCTTC CAGGTAAAAA CAGATATTGT1980
ACCATGTACC TAATCCAAAT ATCATATAAA CATTTTATTT ATAGTTAATA ATCTATGATG2040
AAGGTAATTA AAGTAGATTA TGGCCTTTTT AAGTATTGCA GTCTAAACT TCAAAAAC2100
AAATCATTGT CAAAATTAAT ATGATTATTA ATCAGAATAT CAGAATATGA TTCACTATTT2160
AAACTATGAT AAATTATGAT AATATATGAG GAGGCCTCGC TATAGCAAAA ATAGTTAAAA2220
TGCTGACATA ACACCAAAT TCATTTTTTA AAAAATCTGT TGTTCCAAAT GTGTATAATT2280
TTAAAGTAAT TTCTAAAGCA GTTTATTATA ATGGTTTGCC TGCTTAAAAG GTATAATTAA2340
ACTTCTTTTC TCTTCTACAT TGACACACAG AAATGTGTCA ATGTAAAGCC AAAACCATCT2400
TCTGTGTTTA TGGCCAATCT ATTCTCAAAG TTAAGTAAT AATTGTTTCA GAGTCACAGT2460
TCCCTTTATT TCACATAAGC CCAAATGAT AGACAGTAAC GGTGTTTAGT TTTATACTAT2520
ATTTGTGCTA TTAAATTCTT TCTATTTTCA CAATTATTAA ATTGTGTACA CTTTCATTAC2580
TTTTAAAAAT GTAGAAATTC TTCATGAACA TAACTCTGCT GAATGTAAAA GAAAATTTTT2640
TTTCAAAAAT GCTGTTAATG TATACTACTG GTGGTTGATT GGTTTTATTT TATGTAGCTT2700
GACAATTGAG TGACTTAATA TCTATTCCAT TTGTATTGTA CATAAAATTT TCTAGAAATA2760
CACTTTTTTC CAAAGTGTA GTTTGTGAAT AGATTTTAGC ATGATGAAAC TGTCATAATG2820
GTGAATGTTT AATCTGTGTA AGAAAAACAA CTAAATGTAG TTGTCACACT AAAATTTAAT2880
TGGATATTGA TGAAATCATT GGCTTGGCAA AATAAACAT GTTGAATTCC CCAAAANNGT2940
NCTTTNAAAA GANGACTTGC AGGGTGCACA GTCAGAAAT GAGGCAA 2987

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

```

TTTTTTCGGG AGGCAGAGTC TCCCTTTGTC GCCAGGCTGG AGTGCAGTGG TGCCATCTCG 60
GCTCACTGCA GCACTGTCTC GGCTCACTGC AGCCTCCGGC CTCCCGTATT CAAGCGATTC 120
TCCTGTCTCA GCCTCCTGAG TAGCTGGGAC TACAGGTGTG CACCACCACG CCCGGCTAAT 180
TTTTGTATTT TTAGTAGAGA CGGGGTTTCA CTGTGTTGGC CAGGATGGTC TCAATCTCGA 240
CCTCGTGATC CNGCCCACCT TGGCCTCCCA AAGTGTGGG ATTACAGGCN GTGACTCACC 300
ATGCCCAGCC ACTTAGTTTT TTCTTATTC CACCTTTCTA TCCCATAGAA CACTCTTTTT 360
TATCTTCCCT GAACCANTAT TGNATGAGAT AAATANGGGC TGGGGGCTGG GNCCCCGCNT 420
GNGTCACNTC AACANGAGTN ATTTNCCCTT GGNCCGNAGA TNGGAAGTTT TGTNCCCAAT 480
ANGATGNAGC TGCTNGAGTA TCAACAAGGN TGACATTTTT CTGNCTGNCC CNATTTGTGT 540
CCTGGNNNAG ACNGGTNGGT ACCCTGAAGG NCAGANGGCC NAGCTGCCGC AAGACAGCAA 600
NTGACAGTCC ACCTGCCGAC CTGATTCCTG CATCATGGAA TAANCCACNA TGGCTACCTT 660
CTATCCTCTG TTNCCCAAAT GGTGGNNTGG CACTTATCCT GAAGTCGTCN AATGATTTCC 720
CTTTGNAAAC TACTTTATTT TACTAATTTA AACTATTTTG TACTGATGTA GCCCTGAGGT 780
ANGTTCATGA AAATGCTGTG CACTCATTC NATGGAATAA ATGTTGAAA GCTGATCTTT 840
TCTGATATAA AATGTTGAAT GATANNAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1679 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```

GCACCCACTG GAAACACAGA CGGCACTCTG CGAAAGAGGA AGGGGCGCCA GGAGCTTGGA 60
TTAGAAAAC GAAGCTTCAA GAACAGACTT GCCTAACAAC AGGAAACTTG TATGTCTCGA 120

```

```

AGTGGCAATT CACACATAAG GCTCCATGAC TCCTGAACGC CTCACAAATA TTAGTTGGCT 180
CTTTTCATGG TTTTACTGAA CTTGCTAGAA GTTTACAGGC AAGGAAGTGC AGGAACATTT 240
CACAAATCTA CAATCTGTGA GTATCACATC CTGTATAGCT GTAAACACTG GAATAAGGAA 300
GGGCTGATGA CTTTCAGAAAG ATGAAGGTAA GTAGAAACCG TTGATGGGAC TGAGAAACCA 360
GAGTTAAAAC CTCTTTGGAG CTTCTGAGGA CTCAGCTGGA ACCAACGGGC ACAGTTGGCA 420
ACACCATCAT GACATCACAA CCTGTTCCCA ATGAGACCAT CATAGTGCTC CCATCAAATG 480
TCATCAACTT CTCCCAAGCA GAGAAACCCG AACCACCAA CCAGGGGCAG GATAGCCTGA 540
AGAAACATCT ACACGCAGAA ATCAAAGTTA TTGGGACTAT CCAGATCTTG TGTGGCATGA 600
TGGTATTGAG CTTGGGGATC ATTTTGGCAT CTGCTTCCTT CTCTCCAAAT TTTACCCAAG 660
TGACTTCTAC ACTGTTGAAC TCTGCTTACC CATTTCATAGG ACCCTTTTTT TTTATCATCT 720
CTGGCTCTCT ATCAATCGCC ACAGAGAAAA GGTTAACCAA GCTTTTGGTG CATAGCAGCC 780
TGGTTGGAAG CATTCTGAGT GCTCTGTCTG CCCTGGTGGG TTTCATTATC CTGTCTGTCA 840
AACAGGCCAC CTTAAATCCT GCCTCACTGC AGTGTGAGTT GGACAAAAAT AATATACCAA 900
CAAGAAGTTA TGTTTCTTAC TTTTATCATG ATTCACTTTA TACCACGGAC TGCTATACAG 960
CCAAAGCCAG TCTGGCTGGA ACTCTCTCTC TGATGCTGAT TTGCACTCTG CTGGAATTCT 1020
GCCTAGCTGT GCTCACTGCT GTGCTGCGGT GGAAACAGGC TTACTCTGAC TTCCCTGGGG 1080
TGAGTGTGCT GGCCGGCTTC ACTTAACCTT GCCTAGTGTA TCTTATCCCT GCACTGTGTT 1140
GAGTATGTCA CCAAGAGTGG TAGAAGGAAC AACCAGCCAA TCACGAGATA CACATGGGAG 1200
GGCATTTGCA TTGTGATGGA AGACAGAGAA GAAAAGCAGA TGGCAATTGA GTAGCTGATA 1260
AGCTGAAAAT TCACTGGATA TGAAAATAGT TAATCATGAG AAATCAACTG ATTCAATCTT 1320
CCTATTTTGT CAGCGAAGGG AATGAGACTC TGGGAAGTTA AATGACTGGC CTGGCATTAT 1380
GCTATGAGTT TGTGCCTTTG CTGAGGACAC TAGAACCTGG CTTGCCTCCC TTATAAGCAG 1440
AAACAATTTT TGCCACAACC ACTAGTCTCT TTAATAGTAT TGACTTGGTA AAGGGCATT 1500
ACACACGTAA CTGGATCCAG TGAATGTCTT ATGCTCTGCA TTTGCCCTG GTGATCTTAA 1560
AATTCGTTTG CCTTTTAAA GCTATATTAA AAATGTATTG TTGAATCAAA AAAAAAAGG 1620
GAGTGAGAGG TGGGGTGGGG GGGGGGAGGA GGGGGGCCG TTAGGGGGG GCCGGGTTT 1679

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

```

TTCCAACGTT CCCCTTGCGT AAAATGTCCT GGCAAACCAT GGAAGCTTTG ATGCAAGAAC 60
CCTGTTGTAC TGGAGTTTTC CTCCCCTGTG AAAACGTAAC TTAGTGTGG GAGTGAATTG 120
AGGATGTAGA AAGGGTGGTG GAACCAAAAT GTGGTCAATG GAAATAGGAG AATATGGTTC 180
TCACTCTTGA GAAAAAAACC TAAGATTAGC CCAGGTAGTT GCCTGTAAC TCACTTTTTC 240
TGCCTGGGTT TGATATAGTT TAGGGTTGGG GTTAGATTAA GATCTAAATT ACATCAGGAC 300
AAAGAGACAG ACTATTAAC CCACAGTTAA TTAAGGACGT ATGTTCCATG TTTATTTGTT 360
AAAGCAGTGT GAATAGCCTT CAAGCATGTG AATAATCTTC CATCTTCCCC GCCACACATA 420
CACACACACA CTTTTTGTTT CTTTCAGGTA GACACCTTTT AAAATGCAGA ACTAACTGAG 480
GCATTTTCAGT AACTTTGCTT TCAAATCAAT AAAGTCAAAT GTATGGAAAC ATTTTGTGCC 540
CTACTCTCCA TACCCCGTGT ACTCAAATTC TCTACTGTAT GAATTATGCT TTAAGTAGAA 600
TTCAGTGCCA AGGAGAACTT GGTGAAATAA ATTATTTTAA TTTTTTTTTT ATCCTTTACA 660
AAGCCATGGA TTTTATTTGG TTGATGTGTG CTCTGTACAC AAGCCATTTT AATAGGATGG 720
AGCTGTTAAT TATTTTCCAA AGAGTAATAG ACATGCAAAA GTTCAATAA AAAGTGGGCC 780
ATTAACAAAT AAATTAATAA ACTAATAAGC ATTCCCTTCT AGGTTTTTGC CAACTGCCT 840
ATCCAATAAC AAATTTGAGA ATCGTTGAAA AAGCTAGTTA TATTTTCAGAG AAATGATTTT 900
CATTATTGAA ACTGTTCTCC CTAGCAGGCC ATTTTCCCTT TTCCTGGGA GTTTAGCAAG 960
TTTAGGAGAG AATAGTCATG AAAAGAAAGG GAAGAAAGGG GAGAAGGGAA GAGGTTAAAA1020
AGTAAGTGCT CAGACCTATG AACGTAATCC CTTTGCTAGA AATATTTAAG AGCAGCTCAG1080
CTTGGTTGAA ACTGAGTTT GTCATCTTCC ATATTTGCAG GAAGGTATTT TCTGACTTGC1140
AATGCAGCTA GATGTAAAAT TTTATTTTAT CATACTAGAA AGCCTTGACT AGAAAAATGA1200
ATAAATATTG AGGGTTTCCT GTCCATATCT GGCTTGCATG TGCCAGAAAG CAGAGAATAG1260
AAAATGTAAT CTCCAACATC CAAGCATCGA AACCAGGG GTAGGCAATT CTATGTAGGT1320
TTTGGACATG AAGTTTGGTG CATCTTGGTT TATGCTGGCT CAACTGCTAT TAAACCTCTC1380
TGGCTTATAG TCTCTTCATT CTATTAGACA AGCACGTATC GAACACTTGC TTCGCACAAG1440
GCTCTTTAGT TAACAATTTA GCAGCTACTG TTTGTGTAA ACACACTTTT CACCAAAATAG1500
GTTCTGAGGC AAACGAGAGC AATGACTATT TAAAGAAAGG CTTTCCCAGC ATCACTTACA1560
CATCCCAAAA CTAAAAAGAT CAACTCTTCC AACTGAGAAA AGACTCCTGG CTTTGAATGG1620
AAACTTACAG CAGAGAGTCA CAGGCCACGG CAACAACAAC GACAACAACA AACATTTGGA1680
ATATTATTCT CAACTCACGT TTTAATAATA CATCTTATTA TTTTCTAGT AGAGAAACTA1740
CAAATCAGCC TCTTCAACAT TTATATACAG TTTAATAAGC CTCTTGCAAG TTACTTGTT1800
TCTCACCTGA GGTATTTTTT TCCTCCCCAC CTTGCCCCTG TTCCTCCCTT CCTCTTCTCC1860
CTTTGCAAGA GGAAATATTT AACATATTTG GGTCCAACCT CAATAATGTA ATAATTAATA1920
CATTAAAAGC ATTTAACTTC CTTTCTAGAA AAATGCACAG GCTAAGGCAT AGACAAAACA1980
AAGAGAAATG CTGAGAAATT TGCCACTGGA GACAAGCAAT CTGAATAAAT ATTTGCCAAA2040
AGTTCTTTTT ATGTCATATA GTGTCAGGAT TTGAAGGAGC TATTTTTTTT TAATGTTGCA2100
ACTAGCAACT CATCTTCGGA AGACACAGCC AGGAGAATGA AGTAGAAGTG AAAGGTTTAT2160
AAATCCATTT GTAAGCATTT ATCCCATATA TTTTAAATTC AAGAAAAATT GTGTTTATCT2220
TTAGAATTTT GTATTCAATA CTTTATGTAC TATGTGACTC ATGCTTCTGG ATAAATAAAG2280
CACCAAAATAT GTATCTGTAA CCACAATCAC ACATATTATA TTAAATATAT ATCTATATAA2340
CAGCCAAAAA AAAAAAAAAA AAACACAAGA AAAAGAAAGG GAGAGGGGGG GGGAGAGAAG2400
GGGGGGGAGG T

```

2411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3450 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 176

```
CTCGTCCCAA ACCAGGACAC CCTCTCTACA GTAAATACAT GCGTGGGGAT GTACTTGTGA 60
TGCTGAAGCA GACGGAAT AATTACTTGG AGTGCCAAAA GGGAGAAGAC ACTGGCAGAG 120
TTCACCTGTC TCAAATGAAG ATTATCACTC CACTTGATGA ACATCTTAGA AGCAGACCAA 180
ACGATCCAAG CCACGCTCAG AAGCCTGTTG ACAGTGGTGC TCCTCATGCT GTCGTTCTTC 240
ATGATTTCCC AGCAGAGCAA GTTGATGATT TGAACCTCAC TTCTGGAGAA ATTGGTTTAT 300
CTTCTGGAGA AGATAGATAC AGATTGGTAC AGAGGGAAC GTAGAAACCA GATTGGCATA 360
TTTCCTGCCA ACTATGTCAA AGTGATTATT GATATCCAG AAGGAGGAAA TGGGAAAAGA 420
GAATGTGTTT CATCTCATTG TGTTAAAGGC TCAAGATGTG TTGCTCGGTT TGAATATATT 480
GGAGAGCAGA AGGATGAGTT GAGTTTCTCA GAGGGAGAAA TTATTATTCT TAAAGAGTAT 540
GTGAATGAGG AATGGGCCAG AGGAGAAGTT CGAGGCAGAA CTGGGATTTT CCCCCTGAAC 600
TTTGTGGAGC CTGTTGAGGA TTATCCCACC TCTGGTGCAA ATGTTTTAAG CACAAAGGTA 660
CCACTGAAAA CCAAAAAGA AGATTCTGGC TCAAACCTC AGGTAAACAG TCTTCCGGCA 720
GAATGGTGTG AAGCTCTTCA CAGTTTACCA GCAGAGACCA GTGATGACTT ATCATTCAAG 780
AGGGGAGACC GGATCCAGAT TCTGGAACGT CTGGATTCTG ACTGGTGCAG GGGCAGACTG 840
CAGGACAGGG AGGGGATCTT CCCAGCAGTG TTTGTGAGGC CTTGCCAGC TGAGGCAAAA 900
AGTATGTTGG CCATAGTACC GAAGGGGCAG GAAGGCCAAA GCCTTATATG ATTTCCGAGG 960
GGAGAATGAA GATGAACTTT CCTTCAAGGC TGGAGATATA ATAACAGAGC TGAATCTGT 1020
AGATGATGAC TGGATGAGTG GAGAACTTAT GGGAAAATCT GGAATATTTT CCAAAAATA 1080
CATACAGTTT CTACAGATCA GCTAGAGGAG AAGCTTGTCT GTGTTCTTGT GCACAAGAAC 1140
TCACTTGAAC TATCACCTTG ACTATCAGAT ATGTTTTTGC ACTATTTTTT TTAAGTAAA 1200
AAGAAATATC TAAGCTGTAC ATGGTACACT AGAATTTTCT GAAAGCAGAA AACGTTTCA 1260
TTTTGTAGTT AATTTTCATT ACAATAGAAA CATGCACATG GAAACCCATG AGCTAGGATT 1320
CTACCGAGGA AAACATCTAG TGGGATTAGC AAGGTGAAGG GAAAGCATCT GGTGGCATGG 1380
CAGCATGGGG AGGCTCACAC ACAGAAAGTT CACGTGGACA TCTGTTTTAA TCAGCACAAG 1440
TGAATTAACC ATGCTTCTTC ATTTTCTTAC TTTAGTTAAA AAAGAGGACA TTTAATATTC 1500
TACATGCTGT AACTATCAGG ACATGGTTAG CAATCTCAAT TTCATTTTTG ATATTCAAAT 1560
TAATTCTTAC AGCTTGAGCA TATCAGCCTT ATTACCAGAG CAAATCCTTC CTTCAGATGG 1620
GATAGTTTAC TGACTAGTTG GAGCATTGTG AAGCACATGG TGAAATCAGC CCCTGCCAC 1680
CAAAATAATC TTTATGTTAC CAAGTGATTC CCATTTGTCT AAGGATTTGA AGGGGGTCTA 1740
AATTGGATGT ATCTTAGTCT AAAGAACCAA AACCATCCCT GAAATGCCTT GCTAATACAA 1800
CTAATCCTTC CATATATGTG CCATACTTAT TTTTCTCTC AGTGTATACT TTATGTTAAC 1860
AGGGTTATTA CAAAGCACAT TTTCTGAATC TGCAATCATT CCTTTGACAA TTACTGGACC 1920
CAAAGGAAAA TTCATTTTCT TTGCATTATT CCAGTAATAT ATAAAACTG TGTCTTGTTA 1980
TAGTAGTACA TTATGAATCA CATATAAAT CTTACAATAC AGAACAACCTG TTAAGATGGA 2040
```



```

AAACAGTGCC AAACCTCCAC AGCTCATTTTC TTTGTAATAT AATCAGAAATG AAAAATAATT2100
TAAGAGGACA GAAGACTGGT ACTTTTTTGT TTTATTTTTT CTCTAGCTTA TCCCTGCACA2160
ATTATTAGAG TGAATGAAAA ACCACTTTCC TGCTTTCCAT TGTTATAAAT TCTAAGCTTA2220
AGATAAAAGT GGTTCCTTAC ATGACTGAAT CAATTACAAT TTATGGGCTA GAGCCAAATA2280
GGTTGAAGAC AATCATCCAA ACAGATCAAT GGAATAGAAT TTCATTGGAA ATGTAAAACA2340
CTTTCCCAAC AATGGTCATG ACTTTCTTCT GTTTTTGAGA AGAGTTTCAT ATGCTGGACC2400
ACATTTTAGC TTTTATTGTT TTTTTTTTCC CATTGTCCAA AAAGTTAAGC AACAAGTGGC2460
CACACTTTTA CGTGACTACA ACCTGGAGTT CTGCAAAGAA GGTAATATTT ACTTGGTCTT2520
TGACTAAAGT TATCTCCCCA TTCTATGGTT ACATTTTATT TTGGACTATG GGGACTTCTA2580
ATACGTTTTG GTAAAGAAGA GAGTATAAAG AAAATTCTTG TCAAATTTCA CTCAAAAGTA2640
ATTTTCATGAG AAATCAATGA TTTAAAGCAT TATCCAAATT AAATTATCAT TTGCAGCAAA2700
CTGTACAACA GCAGGAAGGA TATGGAATGG AACATGAGGT ATATATCTTT GCCTTTATAA2760
TTTTAACATC TTATATTGAA GATTCTGAAA ACCTATCTTT ATTAGAGGAA AATCTCAATC2820
TTCAGTTTTG GCCTTCTGTC ACCAGAATGA TAAGTGCAAT AGTTGTAAAT CTACTTGACA2880
CTGTAATAAA CTGAACTGAA CTTTCAAAAT CCCTTTCTCA TACTAGACTG AGTTTTTTTGA2940
GAATGGAGGT GGAACCTTTT TTTTTTTTTT TTGTGAGACA GGATTAAATT CCCTTCGACC3000
CAGGCTGGAG TGCAATGCAA TGTTGGCTCA CTGCAGCCTC TGCCTCCTGG GGCTCAAAGT3060
GATTCTCCTG CCACAGCCTC CTGAGTAGCT GGGACTACAG GCGCACACCA CCCGTGCCCA3120
GCTAATTTCT GGTATTTTTT TTTCTTTTGT TAGAGACAGG GTTTCGCCAT GTTGCCAGG3180
CTGGGTTTCA AACACCTGGG CTCAAGCAGT CTGCCTGCCT CAGCCTCCCA AAGTGCTGGT3240
AATACTGCAC CTGGGCCTGT GGTACCTTAT TTATCTTTGT ATCTCTAGTC CTTTGCACCA3300
TTCAGCCTCA ATAAAGGTTG GTTGGTGGGT TGGGTGAGTT GGTGGTTGG AATGGATGGA3360
TGGATGGATG AATGACTTTC ACATACAGCA ATACCATCTT GGATTCACCTC AATATCTTTC3420
CTCTTTAATT TTTGACATAA ATCTATACTA

```

3450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

```

CGGGGGCGAG CCGGGCCTGC GCGGTAGTGG GACCCGACCC TGTCTCCAGT GGGCGTCTTG 60
GGCCCCGGCT CTATTCTGGG CTGCGGGCCT GGGAAGGGCT CGCCGGGTGC CAAATGAGCT 120
GTCCTAACTC TGCGGGGCTG CAGCTTCCTG CATGATGCTG GGGAGCTTGG CGCCTGACCC 180
AGGATCTAGA AGGCACTCTG GGCAGGCCGC GCTCCGCCCA CGAAGGTACC CAACCCTCTG 240
GGATAGATGC AGGAAGCGAT GGTAAAGACC CATTTTCACC CAACTTCTCG CCGCAGTCTG 300
GCTTACCACA CGCTCCTCCC CATTCCCAGT GAGCCGCTTT TTGCAGCACC AGGCGAACAC 360
TTACACCAGT GCTTTGTAAA GGAATCTTAT TGTCCACCCC GTGTCTTGGC AAAAGAACAG 420
TGATCACACA GATTCCTACT TGGGCTCTTT CTTTAAATCT TCGGAGGCTG AGTTTGCCCA 480
ACTCAGGTTT AACCACCAAG GACTCTGAGA GCTGGCAGGT CTGAGTAACC CTGGTAACAA 540
TTCTCTTCAC CTTATCAAAA CCTGAGCTAA AACCAATGCA TCAGCTGATG ATGACAGCAG 600
AGAGTGGCAG GGCTGAGGAC CCAAAGTCAT TTCCCAGGCT GGCGGAGAAT AAAGTGCCAG 660
GGAGAAGAAT GAGAAGACAG GAGACAAACT GTTTGGAAAG CTAAATCTTC CCTCTTAATG 720
AATAAAGGTT TTTGCCTTGT CTTAAAAAAT AACAGGAAGA AGCAGGGAAA AATAAATAAC 780
TTATGGTAAT CTGGAATTGT ATTTTGTAAAT ATTAAGTGTT TTGAACCTCT AACATTTACC 840
TTCCCCAAA ATCGAACCTT CAGGTTTCAA AAAT 874

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3265 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

```

TACTTCTGCA TGATGACAGA AGCCGAGCAG GACAAGTGGC AGGCTGTGCT GCAGGACTGC 60
ATCCGGCACT GCAACAATGG AATCCCTGAG GACTCCAAGG TAGAGGGCCC TGC GTT CACA 120
GATGCCATCC GCATGTACCG ACAGTCCAAG GAGCTGTACG GCACCTGGGA GATGCTGTGT 180
GGGAACGAGG TGCAGATCCT GAGCAACCTG GTGATGGAGG AGCTGGGCCC TGAGCTGAAG 240
GCAGAGCTCG GCCCGCGGCT GAAGGGGAAA CCGCAGGAGC GGCAGCGGCA GTGGATCCAG 300
ATCTCGGACG CCGTGTACCA CATGGTGTAC GAGCAGGCCA AGGCGCGCTT CGAGGAGGTG 360
CTGTCCAAGG TGCAGCAGGT GCAGCCGGCC ATGCAGGCCG TCATCCGAAC TGACATGGAC 420
CAAATTATCA CCTCCAAGGA GCACCTTGCC AGCAAGATCC GAGCCTTCAT CCTCCCCAAG 480
GCAGAGGTGT GCGTGCGGAA CCATGTCCAG CCCTACATCC CATCCATCCT GGAGGCCCTG 540

```

```
ATGGTCCCCA CCAGCCAGGG CTTCACTGAG GTGCGAGATG TCTTCTTCAA GGAGGTCACG 600
GACATGAACC TGAACGTCAT CAACGAGGGC GGCATTGACA AGCTGGGCGA GTACATGGAG 660
AAGCTGTCCC GGCTGGCGTA CCACCCCTG AAGATGCAGA GCTGCTATGA GAAGATGGAG 720
TCGCTGCGAC TGGACGGGCT GCAGCAGCGA TTTGATGTGT CCAGCACGTC CGTGTTCAAG 780
CAGCGAGCCC AGATCCACAT GCGGGAGCAA ATGGACAATG CCGTGTATAC GTTCGAGACC 840
CTCCTGCACC AGGAGCTGGG GAAGGGGCC ACCAAGGAGG AGCTGTGCAA GTCCATCCAG 900
CGGGTCCTGG AGCGGGTGCT GAAGAAATAC GACTACGACA GCAGCTCTGT GCGGAAGAGG 960
TTCTTCCGGG AGGCGCTGCT GCAGATCAGC ATCCCGTTCC TGCTCAAGAA GCTGGCCCT1020
ACCTGCAAGT CGGAGCTGCC CCGGTTCCAG GAGCTGATCT TCGAGGACTT TGCCAGGTT1080
ATCCTGGTGG AAAACACGTA CGAGGAGGTG GTGCTGCAGA CCGTCATGAA GGACATCCTG1140
CAGGCTGTGA AGGAGGCCGC GGTGCAGAGG AAGCACAACC TCTACCGGA CAGCATGGTC1200
ATGCACAACA GCGACCCCAA CCTGCACCTG CTGGCCGAGG GCGCCCCAT CGACTGGGGC1260
GAGGAGTACA GCAACAGCGG CGGGGGCGGC AGCCCAGCCC CAGCACCCCG GAGTCAGCCA1320
CCCTCTCGGA AAAGCGACGG CGCGCCAAGC AGGTGGTCTC TGTGGTCCAG GATGAGGAGG1380
TGGGGCTGCC CTTTGAGGCT AGCCCTGAGT CACCACCACC TCGTCCCCG GACGGTGTCA1440
CTGAGATCCG AGGCCTGCTG GCCCAAGGTC TCGGCGCTGA GAGCCCCCA CCAGCCGGCC1500
CCCTGCTCAA CGGGGCCCCC GCTGGGGAGA GTCCCCAGCC TAAGGCCGCC CCCGAGGCCT1560
CCTCGCCGCC TGCCCTACCC CTCCAGCATC TCCTGCCTGG AAAGGCTGTG GACCTTGGGC1620
CCCCAAGCC CAGCGACCAG GAGACTGGAG AGCAGGTGTC CAGCCCCAGC AGCCACCCCG1680
CCCTCCACAC CACCACCGAG GACAGTGCAG GGTGCAGAC TGAGTTCTAG GCCAGTGGGT1740
CCCTGACTGC TGCACATGGC ACAGGCCGTT CCCTTCCGGA CCCAGGCAGG CTCAGCTCTG1800
GGGAGGGCAC CCTGGTCTGT GCCTTGTGGG TGGAGGCGGG GCAGGGCTGT GTGGCACC GC1860
CAGGGAGCGG GCCCACCTGA GTCACCTTAT TGGGTTCACT CAACACTTTC TTGCTCCCTG1920
TTTTCTCTTC TGTGGGATGA TCTCAGATGC AGGGGCTGGT TTTGGGGTTT TCCTGCTTGT1980
GCCAAGGGCT GGACACTGCT GGGGGGCTGG AAAGCCCCCTC CCTTCCTGTC CTTCTGTGGC2040
CTCCATCCCC TCATGGGTGC TGCCATCCTT CCTGGAGAGA GGGAGGTGAA AGCTGGTGTG2100
AGCCCAGTGG GTTCCCGCCC ACTACCCAG GAGCTGGCTG GGCCAGGACC GGGAGAGGGA2160
GCACTGCTGC CCTCCTGGCC CTGCTCCTTC CGCAGTTAGG GGTGGACCGA GCCTCGCTTT2220
CCCCACTGTT CTGGAGGGAA GGGGAAGGAG GGGGTCTTCA GGCTGGAGCC AGGCTGGGGG2280
TGCTGGGTGG AGAGATGAGA TTTAGGGGGT GCCTCATGGG GTGGGCAGGC CTGGGGTGAA2340
ATGAGAAAGG CCCAGAACGT GCAGGTCTGC GGAGGGGAAG TGTCCTGAGT GAAGGAGGGG2400
ACCCCCATCC TGGGGGATGC TGGGAGTGAG TGAGTGAGTG AGATGGCTGA GTGAGGGTTA2460
TGGGGAGCCT GAGGTTTTAT GGGCCTGTGT ATCCCCCTCT CCCGGCCCCA GCCTGCCTCC2520
CTCCTGCCCC CCTGGCCAC AGGTCTCCCT CTGGTCCCTG TCCCTCTGGT GGTGAGGAT2580
GGAGCGGCAG CAAGGGGTGT AATGGGGCTG GGTCTGTCT TCTACAGGCC ACCCCGAGGT2640
CCTCAGTGGT TGCCCTGGGA GCCGGACGGG GCTCCTGAGG GGTACAGGTT GGGTGGGCCC2700
TCCCTGAGGG TCTGGGGTCA GGCTTTGGCC TCTGCTGCCT CTCAGTCACC AAGTCACCTC2760
CCTCTGAAAA TCCAGTCCCT TCTTTGGATG TCCTTGTGAG TCACTCTGGG CCTGGCTGTC2820
GTCCCTCCTC AGCTTCTTGT TCCTGGGACA AGGGTCAAGC CAGGATGGGC CCAGGCCTGG2880
GATCCCCAC CCCAGGACCC CCAGGCCCCC TCCCCTGCTG CTTTGCGGGG GGCAGGGCAG2940
AAATGGACTC CTTTGGGTG CCCGAGGTGG GGTCCCCTCC CAGCCCTGCA TCCTCCGTGC3000
CGTAGACCTG CTCCCCAGAG GAGGGGCCCTT GACCCACAGG ACGTGTGGTG GCGCCTGGCA3060
CTCAGGGACC CCCAGCTGCC CCAGCCCTGG TCTCTGGCGC ATCTCTTCCC TCTTGTCCCG3120
AAGATCTGCG CCTCTAGTGC CTTTTGAGGG GTTCCCATCA TCCCTCCCTG ATATTGTATT3180
GAAAAATATTA TGCACACTGT TCATGCTTCT ACTAATCAAT AAACGCTTTA TTAAAGCCA3240
AAAAAAAAG AGGGCGAAAA AAGGG 3265
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

```
SLCVFPSSAA SFLSFLALVV AATMNKKKKP FLGMPAPLGY VPGLGRGATG FTTRSDIGPA 60
RDANDPVDDR HAPPGKRTVG DQMKKNQAAD DDDLNDTN YDEFNGYAGS LFSSGPYEKD 120
DEEADAIYAA LDKRMDERRK ERREQREKEE IEKYRMERPK IQQQFSDLKR KLAEVTEEEW 180
LSIPEVG DAR NKRQRNPRYE KLTPVPDSFF AKHLQTGENH TSVDPRQTQF GGLNTPYPGG 240
LNTYPYGGMT PGLMTPGTVS WT 262
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 467 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKARLLLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL 120
IMKGTEMCPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR 180
VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLSSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK 240
VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE 300
ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP 360
SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL 420
ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 181

```
VRAGPEAAGQ GADSAPTARV FMKSVKLEWV QDNIRAAQDL CEEALRHYED FPKLWMMKGQ 60
IEEQKEMMEK AREAYNQGLK KCPHSTPLWL LLSRLEEKIG QLTRARAILE KSRLKNPKNP 120
GLWLESVRLE YRAGLKNIAN TLMAKALQEC PNSGILWSEA IFLEARPQRR TKSVDALKKC 180
EHDPHVLLAV AKLFWSQRKI TKAREWFHRT VKIDSDLGDA WAFFYKFELQ HGTEEQQEEV 240
RKRCESAEPH HSELWCAVSK DIANWQKKIG DILRLVAGRI KNTF 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 182

```
QPGIKESILM KETQGPYGQG FLGQDSHQHI THVLLGREKQ YIPVERSQSI SGRNVVKGGR 60
CYAAAPSVPE VAVIP 75
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

TFLLSLSYSS SRYFSQEFQR RLLKCLLAA QYQSINYPFW GLALEIIFVG RPNSSQQGSQ 60
ACLLDLFPLR GRNEL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

QGTRHPQSLS HKPAKKIDVA RVTFDLYKLN PQDFIGCLNV KATFYDTYSL SYDLHCCGAK 60
RIMKEAFRWA LFSMQATGHV LLGTSCYLQQ LLDATEEGQP PKGKASSLIP TCLKILQ 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
KSAAQTAMTT PPQTPHPYF INRQDFPCIL LRISSSHSPA PSPMSWLHHC KTDLLQGSQK 60
LLLALYHFYP HLPPETATIH SHCPSALRPS SRADGSMVIL SWVLLKPSQ GADSQRASRV 120
SGLDDKEGT PIFIKTDIP RGF 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

```
TQTRHFQLAT QSGRAGGNTD LDIHKKIKPK IKHSILCPLK GLIKGTQSPP RSPLPCQHHK 60
ASSAHTKGLG RGILLPPHQP QEWT 84
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
RHWGFTASIF SLKRFITSTS KEQTNWRNVC FFFLFIKFYS TAKFQISFTY RPCKGTVRTE 60
HLFYLRDKGV EIFSLNFIRK GWVQWLMPI SAFWEAEAGR SLVARSLRPA WATQ 114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

```
NLINKKKKHT FLQLVCSLLV EVINRFKEKI LAVNPQCLQL FWQNIFKEIQ QANFEVLMKV 60
KEGGISSFGR NEKCLTRDIT THVGSGCFLP KTFREEVN 98
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 437 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

```
KYELYTENAT  TEKTEPNSEQE  DKNDGGKSRK  GNIELASSEP  QHFTTTVTRC  SPTVAFVEFP  60
SSPQLKNDVS  EEKDQKKPEN  EMSGKVELVL  SQKVVKPKSP  EPEATLTFFP  LDKMPEANQL  120
HLPNLNSQVD  SPSSEKSPVM  TPFKFWAWDP  EEERRRQEKW  QQEQERLLQE  RYQKEQDKLK  180
EEWEKAQKEV  EEEERRYYEE  ERKIIEDTVV  PFTVSSSSAD  QLSTSSSMTE  GSGTMNKIDL  240
GNCQDEKQDR  RWKKSFGDD  SDLLKTRES  DRLEEKGSLT  EGALAHSGNP  VSKGVHEDHQ  300
LDTEAGAPHC  GTNPQLAQDP  SQNQTSNPT  HSSSEVVKPKT  LPLDKSINHQ  IESPERRKS  360
ISGKKLCSSC  GLPLGKAAM  IIETLNLYFH  IQCFRCGICK  GQLGDAVSGT  DVRIRNGLLN  420
CNDCYMRSRS  AGQPTTL                                437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 331 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
SANHKLEVNG  TDGLAPVEVE  ELLRQASERN  SKSPTEYHEP  VYANPFYRPT  TPQRETVTPG  60
PNFQERIKIK  TNLGIGVNE  SIHNMGNLS  EERGNNFNHI  SPIPPVPHPR  SVIQQAEEKL  120
HTPQKRLMTP  WEESNMQDK  DAPSPKPRLS  PRETIFGKSE  HQNSSPTCQE  DEEDVRYNIV  180
HSLPPDINDT  EPVTMIFMGY  QQAEDSEEDK  KFLTGYDGII  HAELVVIDDE  EEDEGEAEK  240
PSYHPIAPHS  QVYQPAKPTP  LPRKRSEASP  HENTNHKSPH  KNSISLKEQE  ESLGSPVHHS  300
PFDAQTTGDG  TEDPSLTALR  MRMAKLGKKV  I                                331
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

```
LSLTSRMEEA ELVKGRLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE 120
RTTEDIIRSV KVEREERAAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY 180
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

```
RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDPLSLR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYIANSE 180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ 240
```

RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFD TGM TLGQGMSREL

290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

GHGSYRTPKR SSTNCLGKFW ELADAKKKRK KVHQKQKRAT IRATELAKGK RHVGGSVSHL 60
SPGTVKCVIT AQVHGKRQQQ KALCRLE 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

QFIQGMCSRK FAWYLFVKHL KVPQIGFKVP GAVGWHEPR KATEHPARLL HRAGEVTFYL 60
FFRLHPIFHL PFLQRAQGAI IF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
DDRSFAFH HH KSVIDAMKGR PGQSPLFRPS QGTGRVPGTR QMLQDSVQAA LEEVAASEAL 60
LGPLSPPGKS RDGNASAGEG CQVFRSPPSE VPSPPGQDTP TSTFLKRRWD SQVTLLPSKK 120
CKSQQLQESV SQFPPSPGGR REGPWSSLGA GGPSSHISAK YFPLPVQPAC PCTSLEAGHR 180
PGRCDVLQES QGVDHPANLR LSSGTSCRRG LNPTPVQVRS HEASSQVKMH QTVTWRFYTF 240
LNFQQLGACL L 251
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
FAKGLDRERG NMNLDREGDT IERRTLPTLQ ASDLPFEGTL DGGRGRGLGL SYSHELLAST 60
DSSNSPPHKI TGTNIFNFAY LFLGEFPPSL FCPETTGKAL HFEREEKLFG TTPMIFFFVI 120
LEIYFFIILI ADVLFIYLIC IRSLNNRKL 149
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60
PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120
LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSHTLM CSHTHAQTKH 120
RHRRVSNSTL LIGKQAWDIP LQ 142
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 199

```
QCRGFNLKAY RNAAEIVQYG VKNNTTFLEC APKSPQASIK WLLQDKDERR KEVKLNERII 60
ATSQGLLIRS VQGSQGLYH CIATENSFKQ TIAKINFKVL DSEMVAVVTD KWSPWTWASS 120
VRALPFHPKD IMGAFSHSEM QMINQYCKDT RQHQQGDDES QKMRGDYGKL KALINSRKSR 180
NRRNQLPES 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 200

```
FFREAESPFV ARLECSGAIS AHCSTVSAHC SLRPPVFKRF SCLSLSSWD YRCAPPRPAN 60
FCIFSRDGVN LCWPGWSQSR PRDPAHLGLP KCWDYRX 97
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201

```
ETRVKTSLEL LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
PGVSVLAGFT 250
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202

```
EKTPGFEWKL TAESHRPRQQ QRQQQTFGIL FSTHVLIIHL IIFLVEKLQI SLFNIYIQFN 60
KPLASYLFSH LRYFFPPHLA PVPPFLFSLC KRKYLYLGP TSIM 104
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 203

```
HKKNFWQIFI QIACLQWQIS QHFSLFCLCL SLCIFLERKL NAFNVLIITL LKLDPNMLNI 60
SSCKGRRGRE EQQGGEEN TSGERTSNLQ EAY 93
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 204

```
RPKPGHPLYS KYMRGDLVLM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
DP SHAQKPVD SGAPHAVVLH DFP AEQVDDL NLTSGEIGLS SGEDRYRLVQ REL 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

```
TSLLEKLVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF PANYVKVIID IPEGNGKRE CVSSHCVKGS 60
RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIIILKEYV NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VEPVEDYPTS 120
GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE WCEALHSFTA ETSDDL SFKR GDRIQILERL 180
DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS MLAI VPKGQE GQSLI 225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

```
CIGFSSGFDK VKRIVTRVTQ TCQLSESLVV KPELGKLSLR RLKERAQVGI CVITVLLPRH 60
GVDNKIPLQS TGVSVRLVLQ KAAHWEWGGA CGKPDCGEKL GENGS 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

```
LCGAAASCMM LGSLAPDPGS RRHSGQAALR PRRYPTLWDR CRKRWLRPIF TQLLAHVWLT 60
TRSSFPFVSR FLQHQAQNTYT SAL 83
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 581 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

```
YFCMMTEAEQ DKWQAVLQDC IRHCNNGIPE DSKVEGPAFT DAIRMYRQSK ELYGTWEMLC 60
GNEVQILSNL VMEELGPELK AELGPRLKKG PQERQRQWQ ISDAVYHVMV EQAKARFEEV 120
LSKVQQVQPA MQAVIRTDMD QIITSKEHLA SKIRAFILPK AEVCVRNHVQ PYIPSILEAL 180
MVPTSQGFTE VRDVFFKEVT DMNLNVINEG GIDKLGEYME KLSRLAYHPL KMQSCYEKME 240
SLRLDGLQQR FVDSSTSVFK QRAQIHMREQ MDNAVYTFET LLHQELGKGP TKEELCKSIQ 300
RVLERVLKKY DYDSSSVRKR FFREALLQIS IPFLLKKLAP TCKSELPRFQ ELIFEDFARF 360
ILVENTYEEV VLQTVMKDIL QAVKEAAVQR KHNLYRDSMV MHNSDPNLHL LAEGAPIDWG 420
EEYSNSGGGG SPAPAPRSQP PSRKSDGAPS RWSLWSRMRR WGCPLRLALS HHHLRPRTVS 480
LRSEACWPKV CGLRAPHQPA PCSTGPPLGR VPSLRPPPRP PRRLPHPSI SCLERLWTLG 540
PPSPATRRLE SRCPAPAATP PSTPPPRTVQ GCRLSSRPVG P 581
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 466 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

```
PQRAAPPPHP GPQRPPAWRA VAFPRGWLTP GCWGWAAAPA AVAVLLAPVD GGALGQQVQV 60
GVAVVVDHAV PVEVVLPLHR GLLHSLQDVL HDGLQHLLV RVFHQDEPGK VLEDQLLEPG 120
QLRLAGRGQL LEQERDADLQ QRLPEEPLPH RAAVVVVFLO HPLQDPLDGL AQLLLGGPLP 180
QLLVQEGLER IHGIVHLLPH VDLGSLLEHG RAGHIKSLLO PVQSQRLLHL IAALHLQGVV 240
RQPGQLLHVL AQLVNAALVD DVQVHVRDLL EEDISHLSEA LAGGDHQGLQ DGWDVGLDMV 300
PHAHLCLGED EGSDLAGKVL LGGDNLVHVS SDDGLHGRLH LLHLGQHLLA ARLGLLVHHV 360
VHGVRDLDP LPLLLRFPLQ PRAELCLQLR AQLLHHQVAQ DLHLVPTQHL PGAVQLLGLS 420
VHADGICERR ALYLGVLRDS IVAVPDAVLQ HSLPLVLLGF CHHAEV 466
```

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos.1-5, 10-12, 14, 15, 19, 21-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50, 51, 58-65, 68, 69, 71, 72, 74, 76 und 161-178, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178, zur Verwendung als

Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos 77-85, 87, 88, 90, 91, 93, 95-108, 112-117, 119, 122, 124-126, 132, 133, 135, 137-160 und 179-209.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 und Seq. ID No. 179 bis Seq. ID No. 209.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 und Seq. ID No. 161 bis Seq. ID No. 178.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

37. Die Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

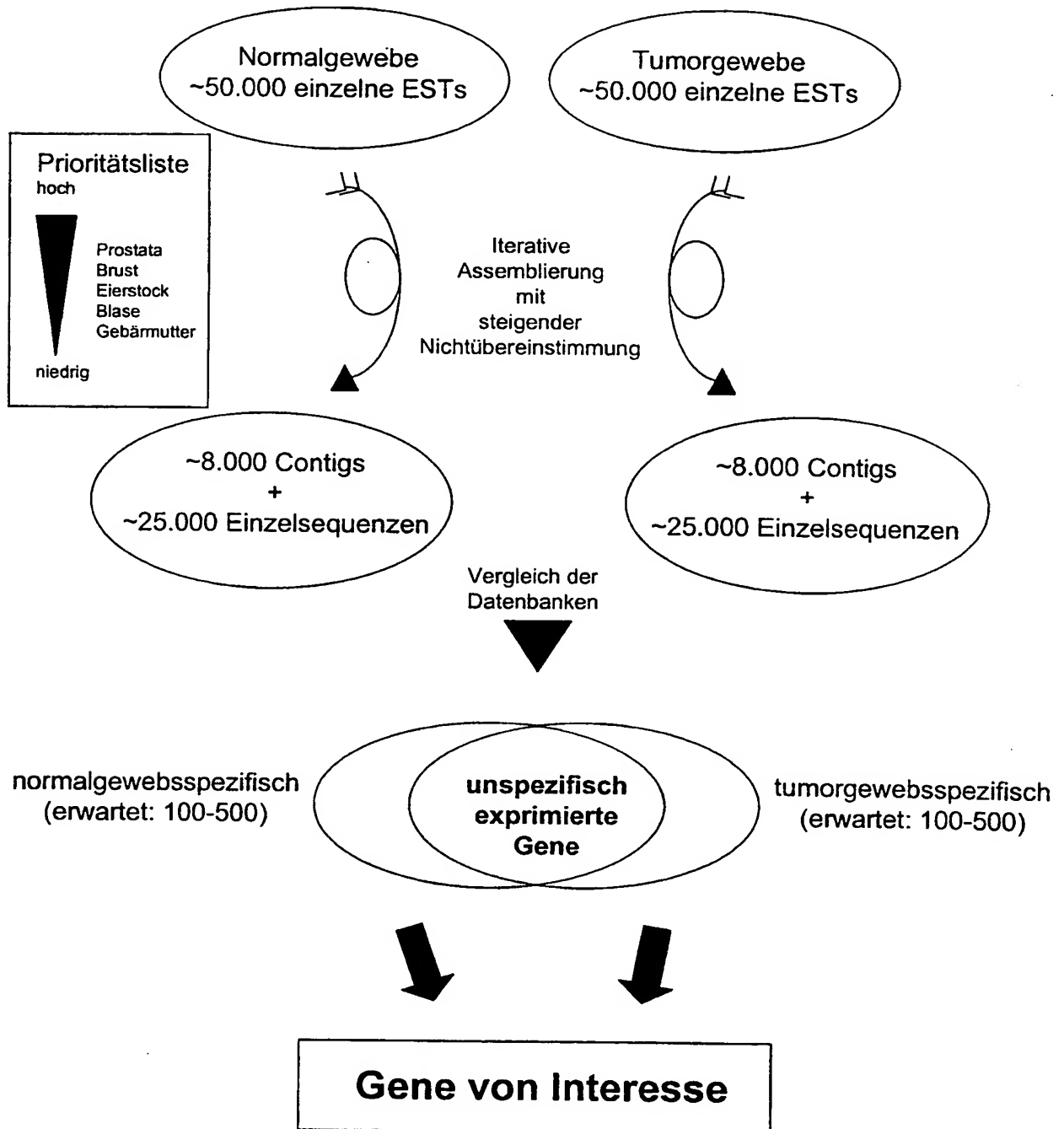


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

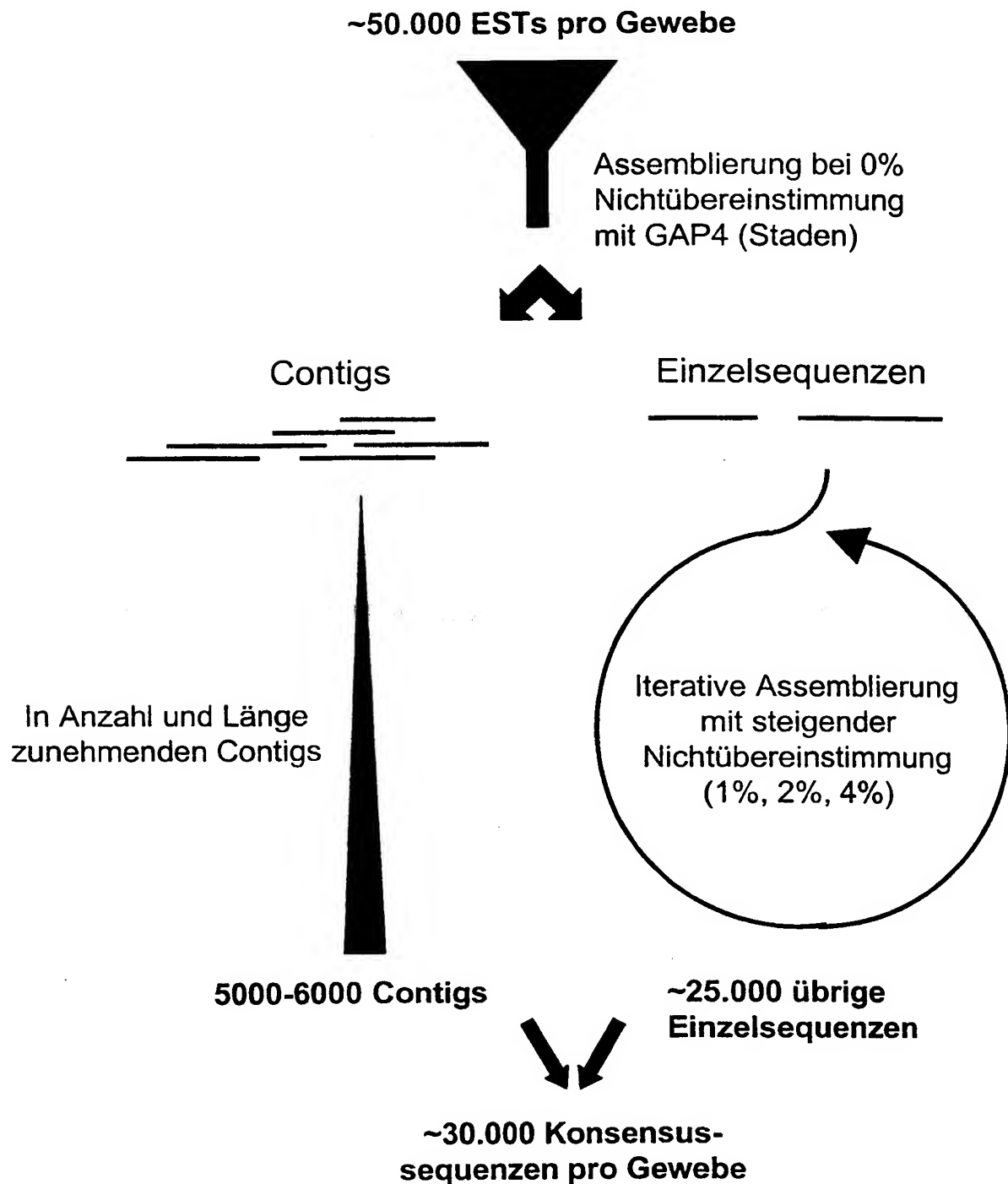


Fig. 2a

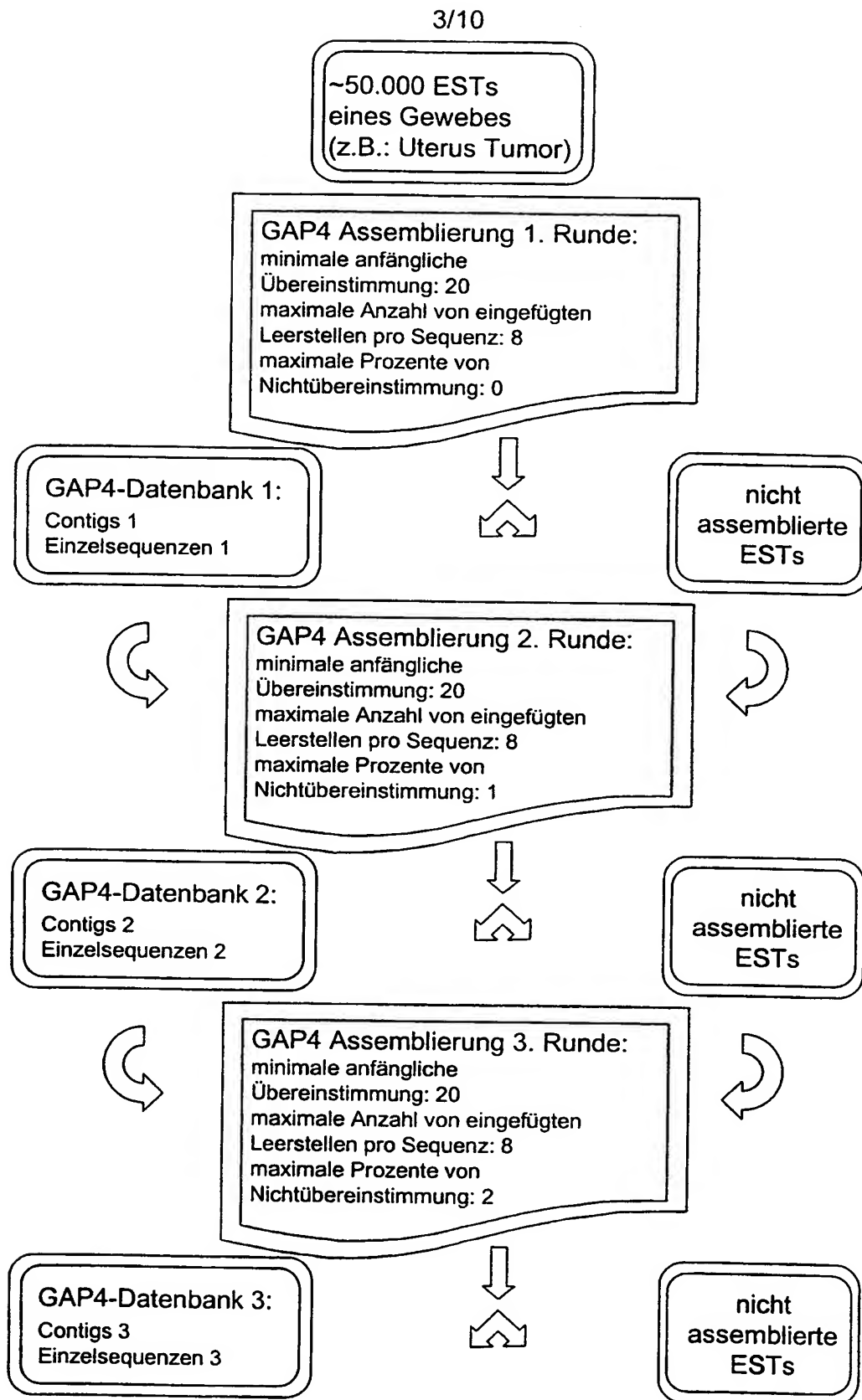


Fig. 2b1

4/10

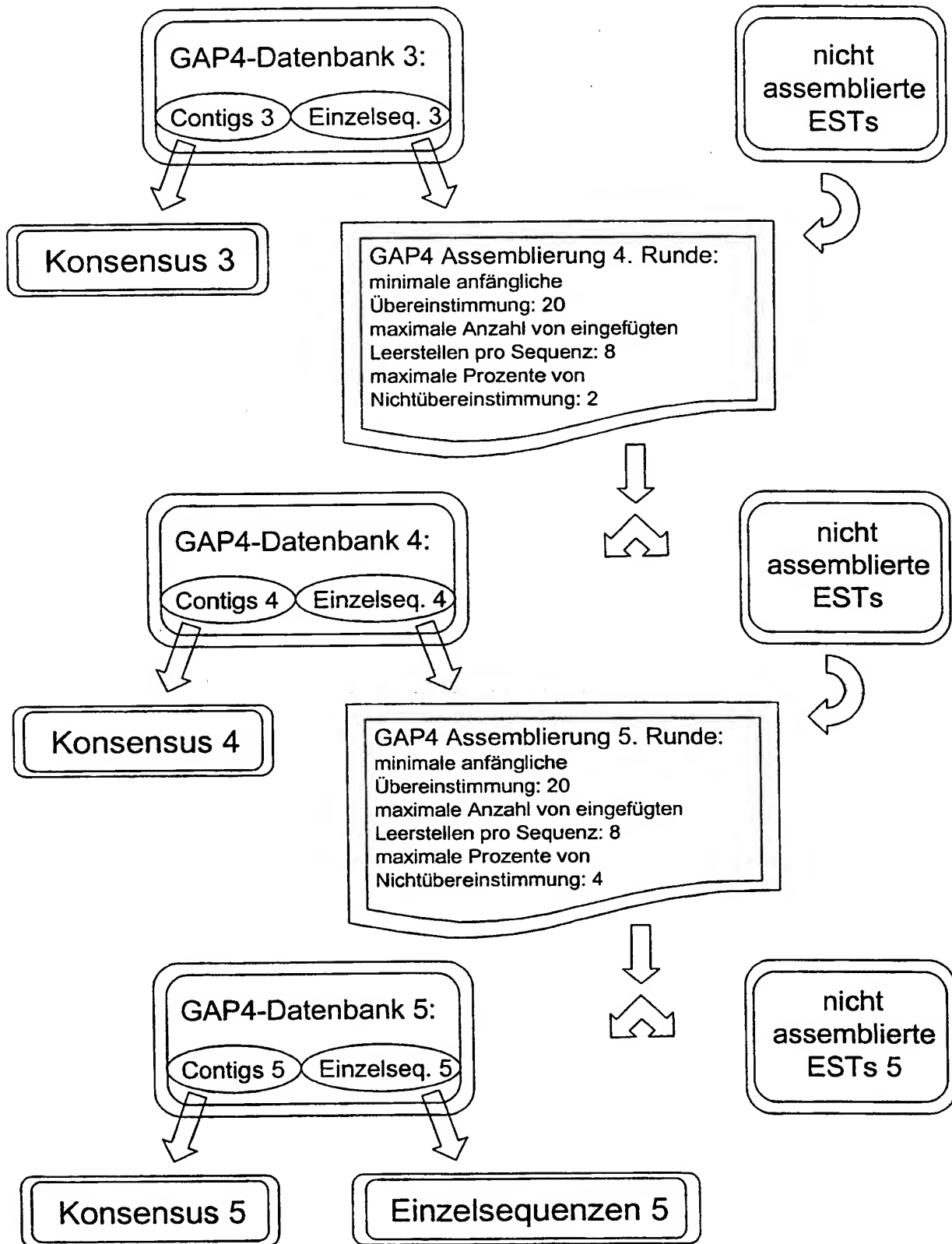


Fig. 2b2

ERSATZBLATT (REGEL 26)

5/10

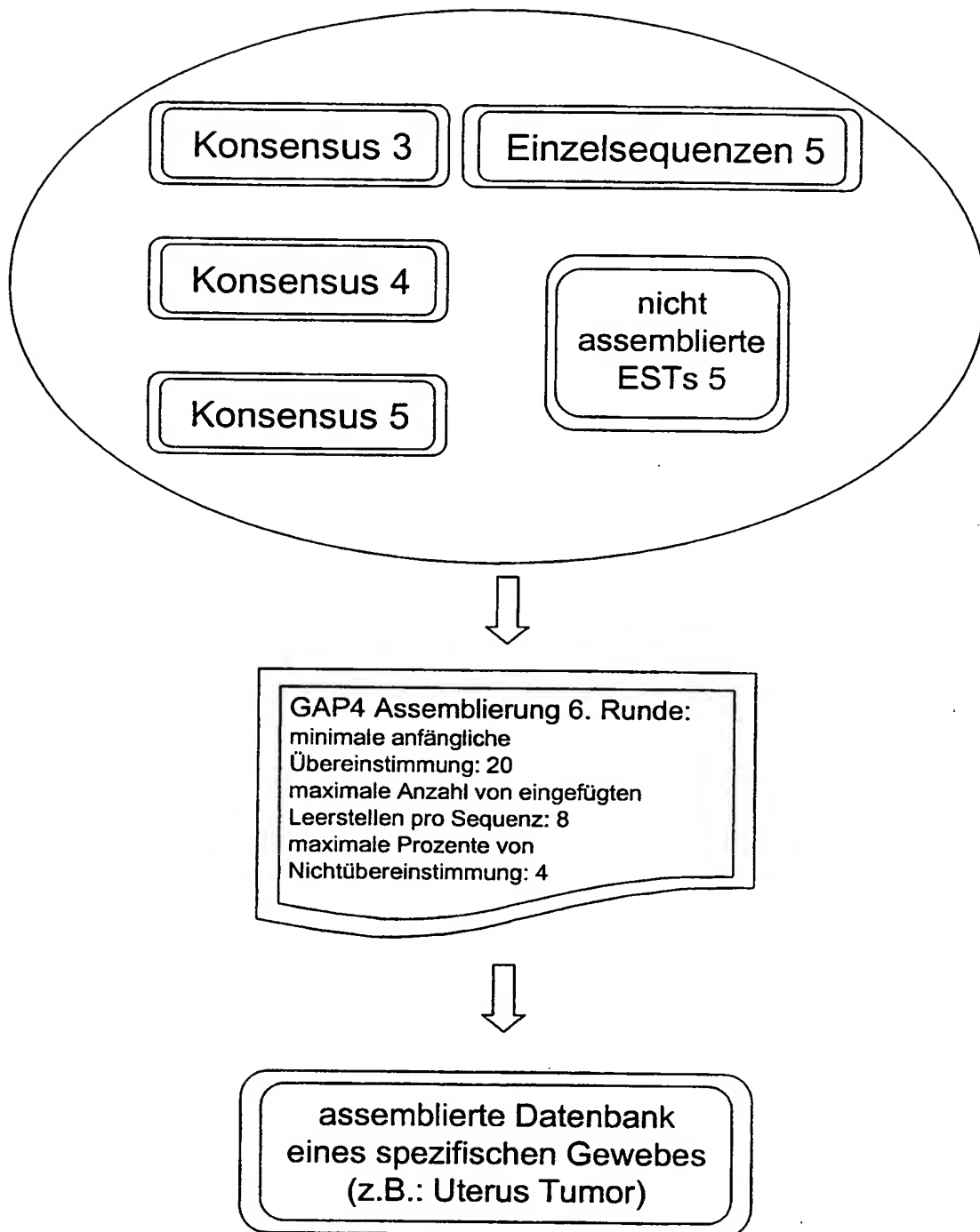


Fig. 2b3

6/10

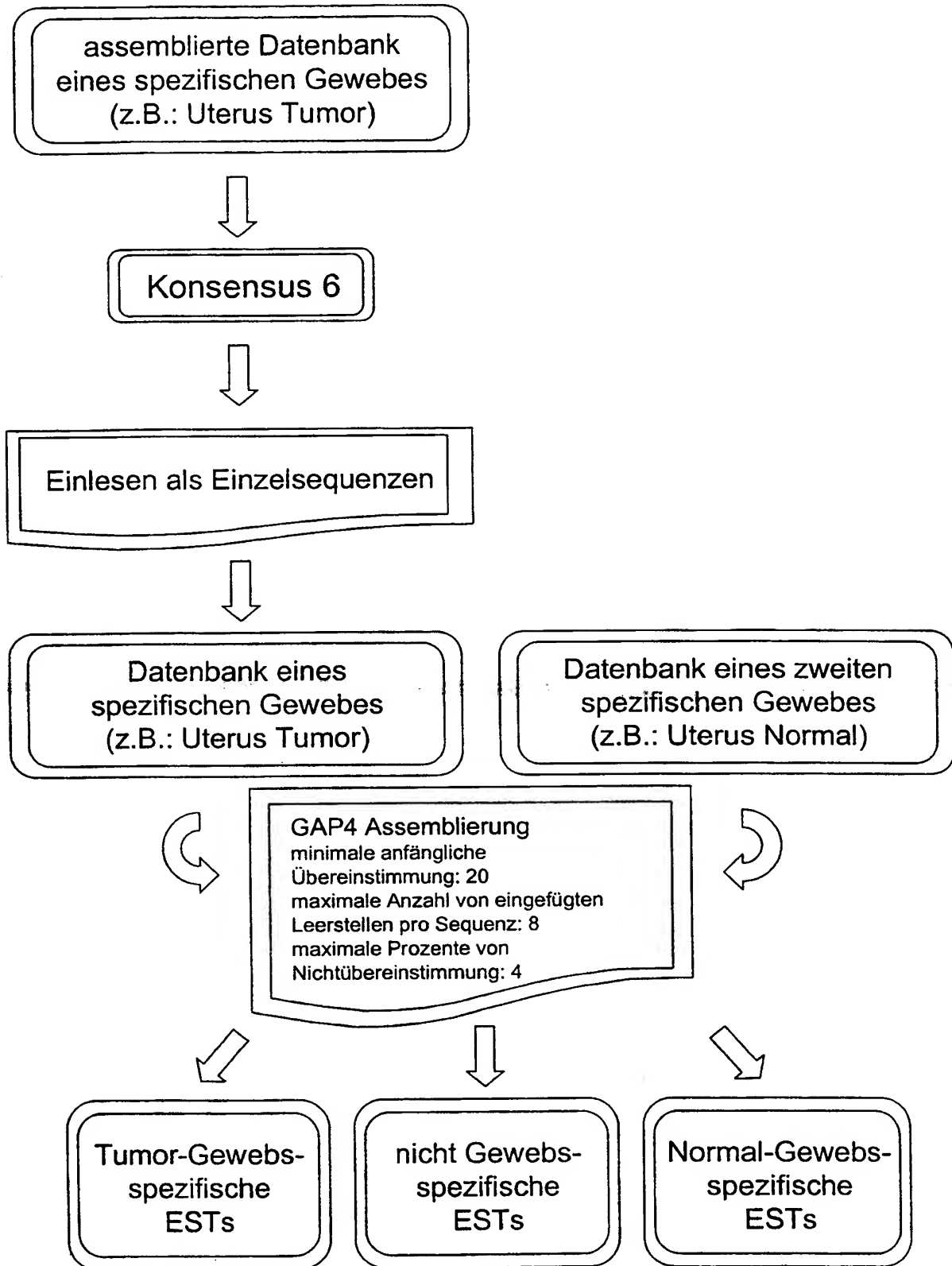


Fig. 2b4

ERSATZBLATT (REGEL 26)

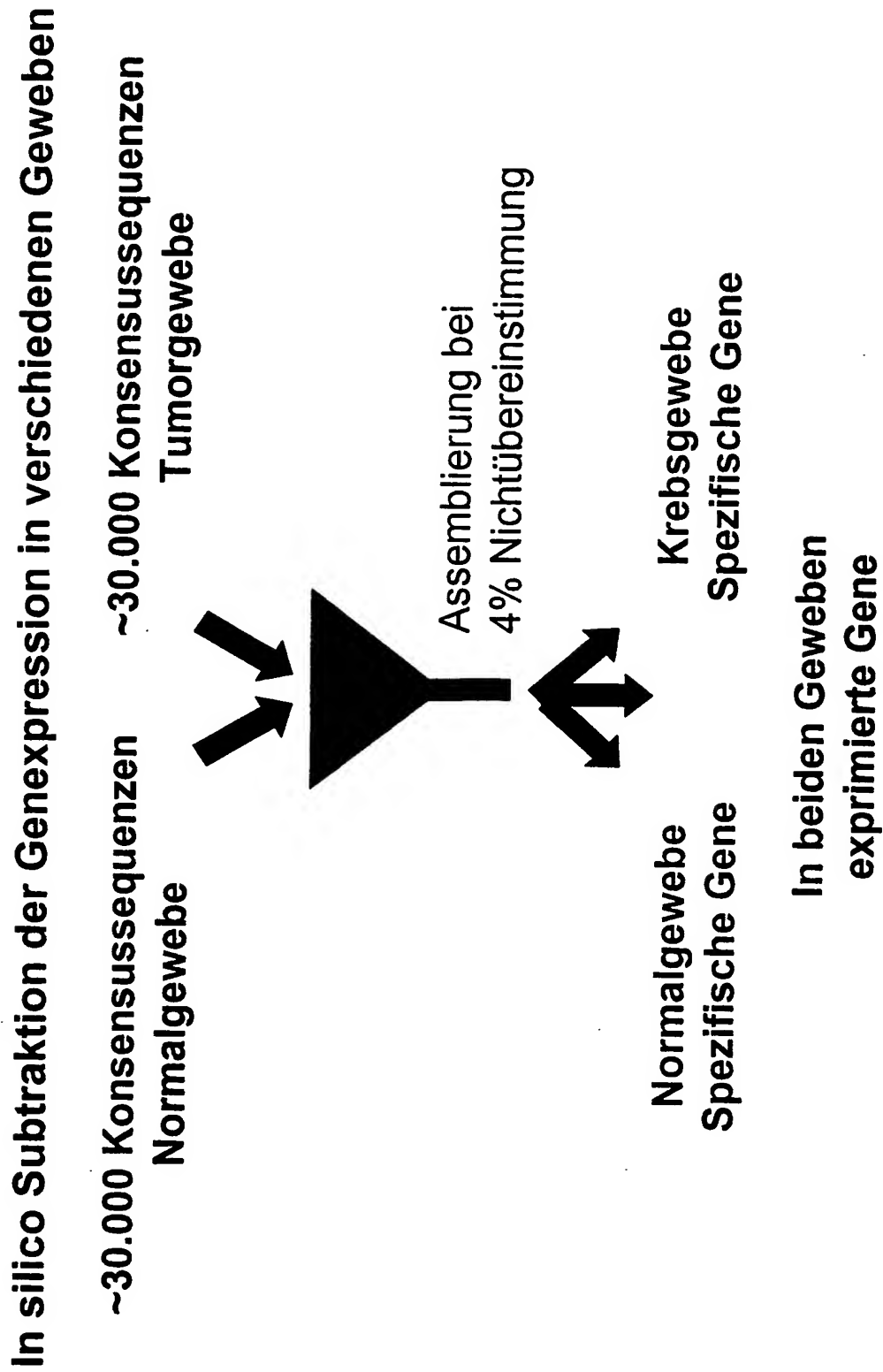


Fig. 3

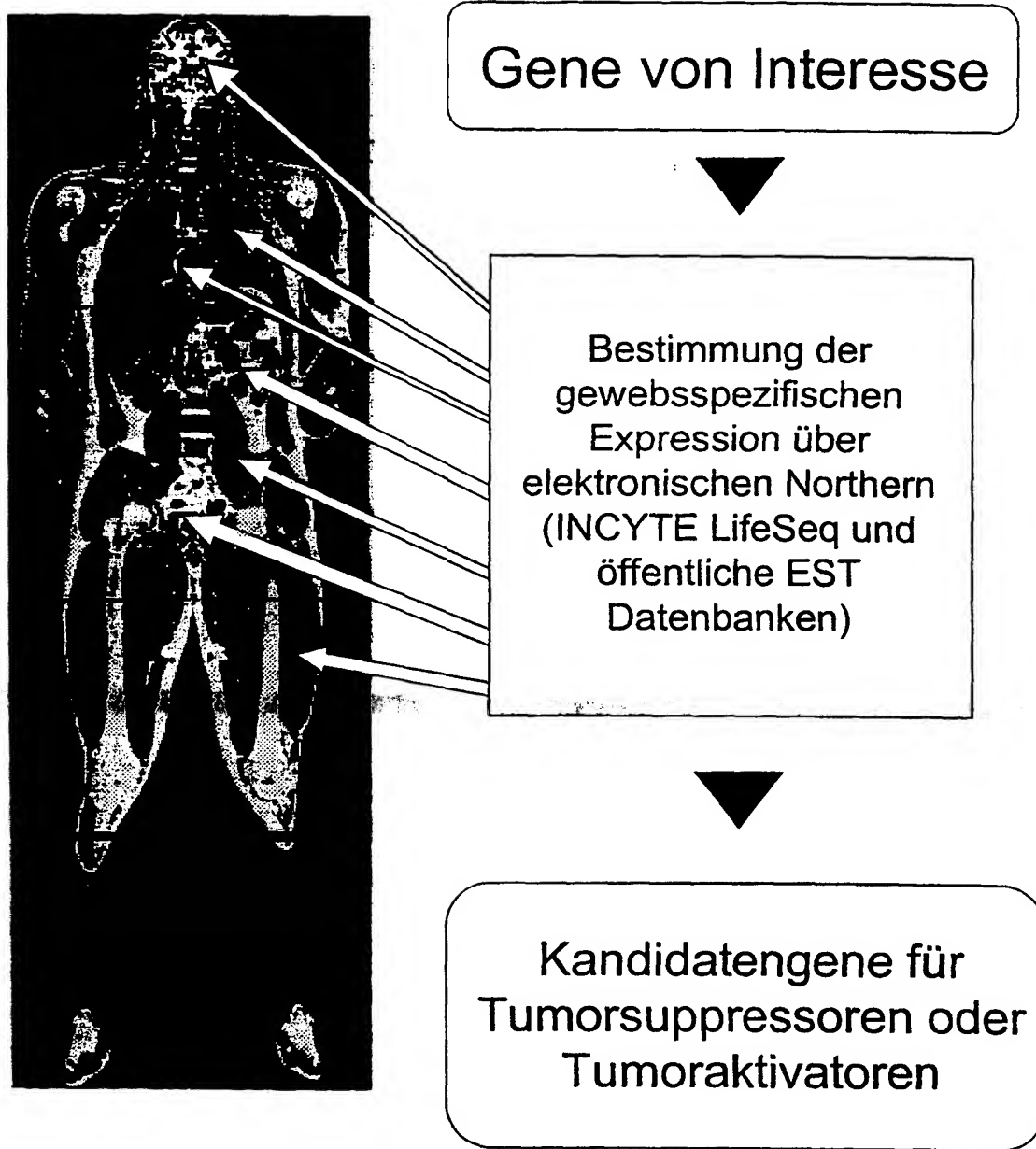


Fig. 4a

9/10

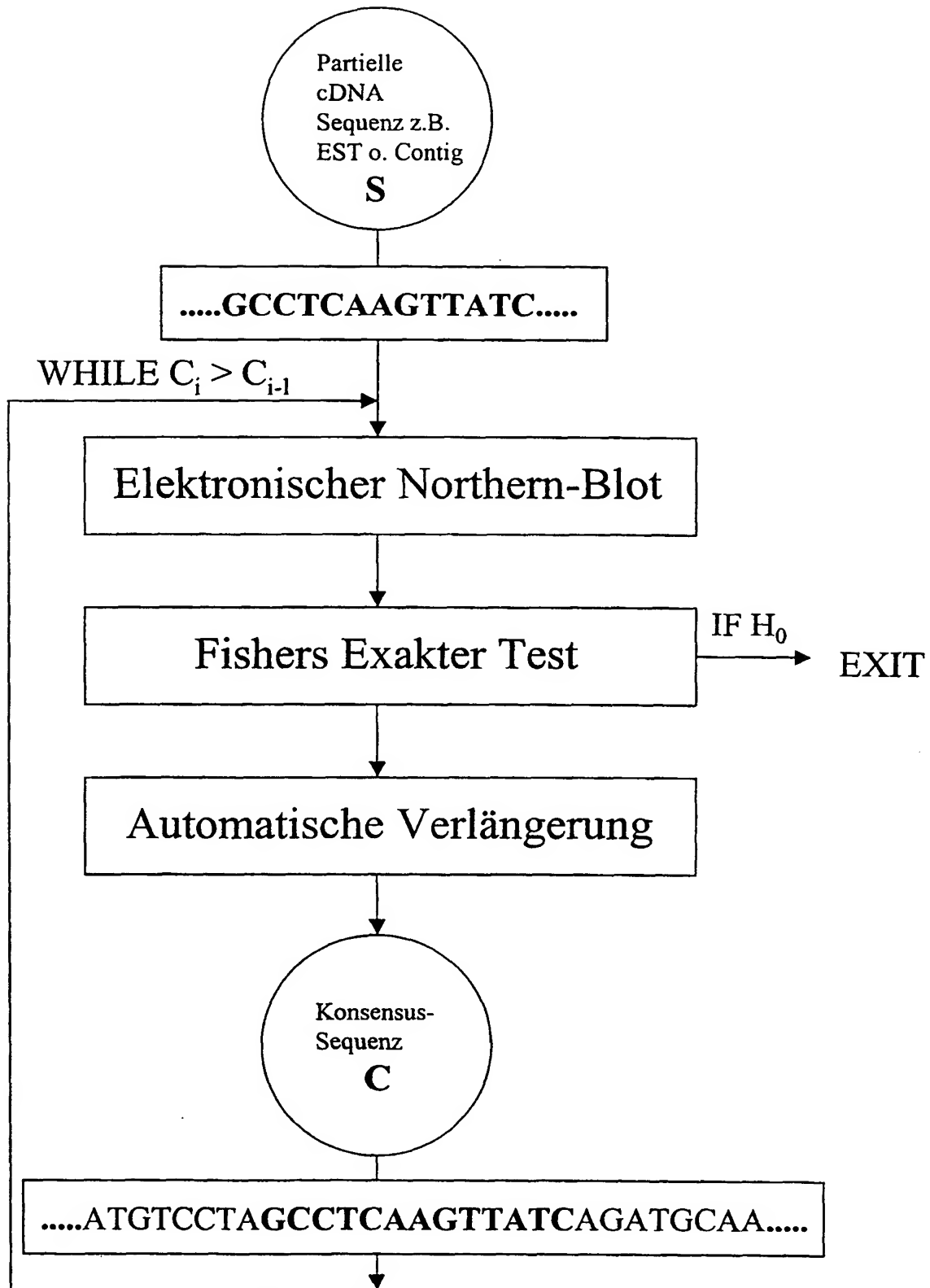


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47655 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00909 (22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 13 835.0 20. März 1998 (20.03.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 6. Juli 2000 (06.07.00)	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID FRAGMENTS WITH HEIGHTENED EXPRESSION IN NORMAL BREAST TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSAEUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN BRUSTNORMALGEWEBE- ERHÖHT IST (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences from breast tissue, coding for genetic products or parts thereof and to the use thereof. The invention also relates to polypeptides which can be obtained from said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbajdschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No
PCT/99/00909

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	HUANG, R.-P. ET AL.: "Decreased Egr-1 expression in human, mouse and rat mamary cells and tissues correlates with tumour formation" INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, vol. 72, 1997, pages 102-109, XP002128955 the whole document	1
A	BRENNER, A.J. ET AL.: "Preferential loss of expression of p16INK4a rather than p19ARF in breast cancer" CLINICAL CANCER RESEARCH, vol. 2, 1996, pages 1993-1998, XP002128956 page 1996, lines 5-14	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

° Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 January 2000

Date of mailing of the international search report

14. 04. 00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Alt, G

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	Marra, M. et al.: "WashU-HHMI Mouse EST Project": vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997 XP002128961 the whole document ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project": ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone 606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MMAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996 XP002128962 the whole document ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project": vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 XP002128963 the whole document ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Hillier, L. et al.: "WasU-NCI human EST Project": ab01h08.r1 Stratagene fetal retina 937202; Homo sapiens cDNA clone 839583 5' EMBL DATABASE ENTRY HS1289285; ACCESSION NUMBER AA489946, 02. Juli 1997 XP002128964 the whole document ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
T	NISHIKIMI, A. ET AL.: "A novel mammalian nuclear protein similar to Schizosaccharomyces pombe Prp1/ Zerlp and Saccharomyces cerevisiae Prp6p pre-mRNA splicing factors" BIOCHIMICA BIOPHYSICA ACTA, vol. 1435, 1999, pages 147-152, XP000872047	
P,X	& Nishikimi et al. EMBL DATABASE ENTRY AB019219; ACCESSION NUMBER AB019219; 11. Januar 1999 the whole document ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 23, 1995, pages 4992-4994, XP002127627 cited in the application ---	1

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT 99/00909

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 cited in the application ---	1
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 -----	1

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☒ Claims Nos.: 33-35
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 1 and 77)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2

Claims Nos. 33-35

Claims Nos. 33-35 relate to a disproportionately large number of possible products and the uses thereof that are neither supported by the description according to the terms of PCT Article 6 nor able to be considered disclosed under the terms of PCT Article 5. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. No search was therefore carried out for said products and the use thereof.

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 1 and 77)
2. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 2 and 78-80)
3. Claims Nos. 1-37 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 3 and 82)
4. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 4 and 83)
5. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 5 and 84)
6. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 10 and 85)
7. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 11 and 87)
8. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 12 and 88)
9. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 13 and 89)
10. Claims Nos. 1-3 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 14 and 19)
11. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 15 and 91)
12. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 18 and 92)
13. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 19 and 93)
14. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 21 and 95)
15. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 22 and 96)
16. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 23 and 97)
17. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 24 and 98 and 99)
18. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 25 and 100-103)
19. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 28 and 104)
20. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 35 and 105-107)
21. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 31 and 108)
22. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 34 and 112)
23. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 37 and 113)
24. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 42 and 114)
25. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 43 and 115-117)

26. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 45 and 119)
27. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 48 and 122)
28. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 50 and 124 and 1-25)
29. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 51 and 129)
30. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 53 and 128)
31. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 54 and 129)
32. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 57 and 131)
33. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 58 and 132 and 1 and 33)
34. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 59 and 135)
35. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 60 and 137)
36. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 61 and 138)
37. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 62 and 139-141)
38. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 63 and 142-145)
39. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 64 and 146)
40. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 65 and 147)
41. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 68 and 148)
42. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 69 and 149 and 1-50)
43. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 71 and 151)
44. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 72 and 152-156)
45. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 74 and 157)
46. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 76 and 158-160)
47. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 161 and 179-181)
48. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 162 and 182-183)
49. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 163 and 184)
50. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 164 and 185-186)

51. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 165 and 187 and 188)
52. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 166 and 189)
53. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 167 and 190 and 191)
54. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 168 and 192)
55. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 169 and 193 and 194)
56. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 170 and 195 and 196)
57. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 171 and 197 and 198)
58. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 172 and 199)
59. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 173 and 200)
60. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 174 and 201)
61. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 175 and 202 and 203)
62. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 176 and 204 and 205)
63. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 177 and 206 and 207)
64. 4. Claims Nos. 1-36 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 178 and 208 and 209)

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	HUANG, R.-P. ET AL.: "Decreased Egr-1 expression in human, mouse and rat mamary cells and tissues correlates with tumour formation" INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, Bd. 72, 1997, Seiten 102-109, XP002128955 das gesamte Dokument	1
A	BRENNER, A.J. ET AL.: "Preferential loss of expression of p16INK4a rather than p19ARF in breast cancer" CLINICAL CANCER RESEARCH, Bd. 2, 1996, Seiten 1993-1998, XP002128956 Seite 1996, Zeilen 5-14	1



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

E älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

L Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

O Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

P Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

T Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

Y Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

Z Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

27. Januar 2000

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

14.04.00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
 Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Alt, G

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	Marra, M. et al.: "WashU-HHMI Mouse EST Project":vv29e04.r1 Stratagene mouse heart; Mus musculus cDNA clone 1223838 5' EMBL DATABASE ENTRY AA667452; ACCESSION NUMBER AA667452, 20. November 1997 XP002128961 das gesamte Dokument ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":ms06e09.r1 Stratagene mouse skin; Mus musculus cDNA clone606184 5' EMBL DATABASE ENTRY MMAA145515; ACCESSION NUMBER AA145515, 14. Dezember 1996 XP002128962 das gesamte Dokument ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Marra, M. et al.: "The WashU-HHMI Mouse EST Project":vq19c08.r1 Barstead stromal cell line MPLRB8; Mus musculus cDNA clone 1094702 5' EMBL DATABASE ENTRY AA869913; ACCESSION NUMBER AA869913, 17. März 1998 XP002128963 das gesamte Dokument ---	1-3, 7-10, 22-24, 32,36
X	Hillier, L. et al.: "WasU-NCI human EST Project":ab01h08.r1 Stratagene fetal retina 937202; Homo sapiens cDNA clone 839583 5' EMBL DATABASE ENTRY HS1289285; ACCESSION NUMBER AA489946, 02. Juli 1997 XP002128964 das gesamte Dokument ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
T	NISHIKIMI, A. ET AL.: "A novel mammalian nuclear protein similar to Schizosaccharomyces pombe Prp1/ Zer1p and Saccharomyces cerevisiae Prp6p pre-mRNA splicing factors" BIOCHIMICA BIOPHYSICA ACTA, Bd. 1435, 1999, Seiten 147-152, XP000872047	
P,X	& Nishikimi et al. EMBL DATABASE ENTRY AB019219; ACCESSION NUMBER AB019219; 11. Januar 1999 das gesamte Dokument ---	1-3, 5-10, 22-24, 32,36
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 23, 1995, Seiten 4992-4994, XP002127627 in der Anmeldung erwähnt ---	1

-/--

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie ^a	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 in der Anmeldung erwähnt ---	1
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 -----	1

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 33-35
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
Siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
1-36 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 1 und 77 beziehen)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 33-35

Die Patentansprüche 33-35 beziehen sich auf eine unverhältnismässig grosse Zahl möglicher Produkte und deren Verwendungen, welche sich weder im Sinne von Artikel 6 PCT auf die Beschreibung stützen und welche noch im Sinne von Artikel 5 PCT als in der Patentanmeldung als offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den angestrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Für besagt Produkte und deren Verwendung wurde daher keine Recherche durchgeführt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 1 und 77 beziehen)
2. Ansprüche: 1-36 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 2,
sowie 78-80 beziehen)
3. Ansprüche: 1-37 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 3 und 82 beziehen)
4. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 4 und 83 beziehen)
5. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 5 und 84 beziehen)
6. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 10 und 85 beziehen
)
7. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 11 und 87 beziehen
)
8. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 12 und 88 beziehen
)
9. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 13 und 89 beziehen
)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

10. Ansprüche: 1-3 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 14 und 19 beziehen
)
11. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 15 und 91 beziehen
)
12. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 18 und 92 beziehen
)
13. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 19 und 93 beziehen
)
14. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 21 und 95 beziehen)
15. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 22 und 96 beziehen
)
16. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 23 und 97 beziehen
)
17. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 24 sowie 98 und 99
beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

18. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 25 sowie 100 -
103 beziehen)

19. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 28 und 104 beziehe
n)

20. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 30 sowie 105 -
107 beziehen)

21. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 31 und 108 beziehe
n)

22. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 34 und 112 beziehe
n)

23. Ansprüche: 1-37 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 37 und 113 beziehe
n)

24. Ansprüche: 1-36 (teilweise ,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 42 und 114 beziehen
)

25. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 43 und 115 -
117 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

26. Ansprüche: 1-37 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 45 und 119 beziehe
n)
27. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 48 und 122 beziehe
n)
28. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 50 sowie 124 und 1
25 beziehen)
29. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 51 und 126 beziehe
n)
30. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 53 und 128 beziehe
n)
31. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 54 und 129 beziehe
n)
32. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 57 und 131 beziehe
n)
33. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 58 sowie 132 und 1

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

33 beziehen)

34. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 59 und 135 beziehe
n)

35. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 60 und 137 beziehe
n)

36. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 61 und 138 beziehe
n)

37. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 62 sowie 139 -
141 beziehen)

38. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 63 sowie 142 -
145 beziehen)

39. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 64 und 146 beziehe
n)

40. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 65 und 147 beziehe
n)

41. Ansprüche: 1-36 (teilweise,

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 68 und 148 beziehe
n)

42. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 69 sowie 149 und 1
50 beziehen)

43. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 71 und 151 beziehe
n)

44. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 72 sowie 152 -
156 beziehen)

45. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 74 und 157 beziehe
n)

46. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 76 sowie 158 -
160 beziehen)

47. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 161 sowie 179 -
181 beziehen)

48. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 162 sowie 182 und
183 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

49. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 163 und 184 bezieh
en)

50. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
~~soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 164 sowie 185 und~~
186 beziehen)

51. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 165 sowie 187 und
188 beziehen)

52. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 166 und 189 bezieh
en)

53. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 167 sowie 190 und
191 beziehen)

54. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 168 und 192 bezieh
en)

55. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 169 sowie 193 und
194 beziehen)

56. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 170 sowie 195 und
196 beziehen)

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

57. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 171 sowie 197 und
198 beziehen)
58. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 172 und 199 bezie-
hen)
59. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 173 und 200 bezie-
hen)
60. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 174 und 201 bezie-
hen)
61. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 175 sowie 202 und
203 beziehen)
62. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 176 sowie 204 und
205 beziehen)
63. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 177 sowie 206 und
207 beziehen)
64. Ansprüche: 1-36 (teilweise,
soweit sie sich auf SEQ ID Nos. 178 sowie 208 und
209 beziehen)

